

IDENTIFIKASI MOLEKULER BAKTERI PADA SALIVA ANJING (*CANIS LUPUS FAMILIARIS*) RAS PITBULL



Skripsi

Diajukan untuk Memenuhi Salah Satu Syarat Meraih Gelar
Sarjana Sains pada jurusan Biologi Universitas Islam Negeri
Alauddin Makassar

Oleh

ALMIK AGRI LESTARI NURSALAM

NIM. 60300114146

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI
ALAUDDIN
M A K A S S A R

**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UIN ALAUDDIN MAKASSAR
2018**

PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI

Mahasiswa yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Almik Agri Lestari Nursalam
NIM : 60300114146
Tempat/Tgl. Lahir : Polmas/26 Oktober 1995
Jur/Prodi : Biologi/S1
Fakultas : Sains dan Teknologi
Alamat : Desa Sumberjo, Kecamatan Wonomulyo, Kabupaten Polewali
Mandar, Sulawesi Barat
Judul : “Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull”.

Menyatakan dengan sesungguhnya dan penuh kesadaran bahwa skripsi ini benar adalah hasil karya sendiri. Jika di kemudian hari terbukti bahwa ia merupakan duplikat, tiruan, plagiat, atau dibuat oleh orang lain, sebagian atau seluruhnya, maka skripsi dan gelar yang diperoleh karenanya batal demi hukum.

Makassar, 03 Juni 2018
Penyusun

Almik Agri Lestari Nursalam
NIM: 60300114146

UNIVERSITAS ISLAM
ALAUDDIN
M A K A S S A R

PENGESAHAN SKRIPSI

Skripsi yang berjudul, “Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull”, yang disusun oleh Almik Agri Lestari Nursalam, NIM: 60300114146, mahasiswa Jurusan Biologi pada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar, telah diuji dan dipertahankan dalam sidang *munaqasyah* yang diselenggarakan pada hari Senin, tanggal 4 Juni 2018, bertepatan dengan 19 Ramadhan 1439 H, dinyatakan telah dapat diterima sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana dalam Ilmu Sains dan Teknologi, Jurusan Biologi.

Makassar, 04 Juni 2018 M

19 Ramadhan 1439 H

DEWAN PENGUJI :

Ketua	: Dr. Muh. Thahir Maloko. M.Hi	(.....)
Sekretaris	: Hasyimuddin., S.Si., M.Si.	(.....)
Munaqasyah I	: Eka Sukmawaty S.Si., M.Si.	(.....)
Munaqasyah II	: Prof. Dr. H.Arifuddin Ahmad M.Ag.	(.....)
Pembimbing I	: Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes.	(.....)
Pembimbing II	: Dr. Fatmawati, S.Si., M.Si.	(.....)

Diketahui oleh:

Dekan Fakultas Sains dan Teknologi
UIN Alauddin Makassar,

Prof. Dr. H. Arifuddin Ahmad M.Ag.

NIP. 19710412 200003 1 001

PERSETUJUAN PEMBIMBING

Pembimbing penulisan skripsi Saudara **Almik Agri Lestari Nursalam**, NIM: 60300114146, mahasiswa Jurusan Biologi pada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar, setelah meneliti dan mengoreksi dengan seksama skripsi yang berjudul “Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull”, memandang bahwa hasil penelitian skripsi tersebut telah memenuhi syarat-syarat ilmiah dan dapat disetujui untuk diajukan ke sidang *munaqasyah*.

Demikian persetujuan ini diberikan untuk diproses lebih lanjut.

Makassar, 4 Juni 2018

Pembimbing I

Pembimbing II

Dr.Mashuri Masri S.Si.,M.Kes.

Dr. Fatmawati, S.Si., M.Si.

NIP. 198012162009121003

NIP.

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI
ALAUDDIN
MAKASSAR

KATA PENGANTAR



Segala puji atas kebesaran Sang Khalik yang telah menciptakan alam semesta dalam suatu keteraturan hingga dari lisan terpercik berjuta rasa syukur kehadiran Allah swt karena atas limpahan Rahmat, Hidayah dan Karunia-Nyalah sehingga saya diberikan kekuatan, kesempatan dan kemudahan kepada hamba-Nya untuk menyelesaikan tugas akhir (skripsi) ini yang berjudul **“Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull”** dapat diselesaikan dengan baik sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains pada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar. Shalawat dan Salam semoga senantiasa tercurahkan kepada Baginda Besar Nabi Muhammad saw, kepada keluarganya, para sahabatnya, hingga pada umatnya hingga akhir zaman ini yang di utus ke permukaan bumi ini untuk menuntun manusia dari lembah kebiadaban menjadi kebaikan seperti sekarang ini yang menjadi suri tauladan/uswatun hasanah bagi kita semua.

Penulis juga tidak lupa mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada kedua orang tua penulis, Ayahanda Adianto Nursalam dan Ibunda Srina S., saudara-saudariku tercinta (Evy Reskyanni Nursalam, dan Shelynda Tri Febriani Nursalam) beserta keluarga besarku yang tiada henti-hentinya memberikan do'a, semangat, motivasi, dan nasehat-nasehat dengan penuh keikhlasan, kesabaran serta kasih sayang yang tiada tara. Kalian merupakan pahlawan yang sangat berjasa, semoga jasa-jasamu dapat terbalaskan, aamiin..

Penulis menyadari sepenuhnya, dalam penyusunan skripsi ini tidak terlepas dari hambatan dan tantangan. Namun berkat kerja keras dan motivasi dari pihak-pihak langsung maupun tidak langsung yang memperlancar jalannya penyusunan skripsi ini.

Olehnya itu, secara mendalam saya menyampaikan banyak terima kasih kepada semua yang membantu dalam penyelesaian skripsi ini diantaranya :

1. Prof. Dr. H. Musafir Pababbari, M.Ag., selaku Rektor Universitas Islam Negeri (UIN) Alauddin Makassar serta seajarannya.
2. Prof. Dr. A.Qadir Gassing HT.,MS., selaku Rektor periode 2011-2015 Universitas Islam Negeri (UIN) Alauddin Makassar.
3. Prof. Dr. H. Arifuddin Ahmad, M.Ag., selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri (UIN) Alauddin Makassar dan seajarannya.
4. Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes., selaku Ketua Jurusan Biologi Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar.
5. Hasyimuddin, S.Si., M.Si., selaku Sekretaris Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar.
6. Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes sebagai Dosen Pembimbing I dan Dr. Fatmawati Nur S.Si., M.Si. selaku Dosen Pembimbing II yang sabar memberikan bimbingan, arahan, masukan, dan telah meluangkan waktu membimbing penulis sehingga skripsi ini dapat terselesaikan.
7. Eka Sukmawaty S.Si., M.Si., dan Prof. Dr. H. Arifuddin Ahmad M.Ag., M.Si., selaku Dosen Penguji yang telah banyak memberikan masukan yang sangat bermanfaat bagi penelitian dan penulisan skripsi penulis.
8. Seluruh Bapak/Ibu Dosen Pengajar yang selama ini telah mengajarkan banyak hal serta pengetahuan yang berlimpah selama kuliah di kampus ini serta seluruh Staf Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar.
9. Kepada seluruh Laboran Laboratorium Jurusan Biologi FST UIN Alauddin Makassar yang memberikan ilmu, arahan, dan membantu selama penelitian ini.

10. Kepala perpustakaan beserta jajarannya, terima kasih atas bantuannya selama ini.
11. Spesial penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada kedua orang tua tercinta yaitu Ayahanda Adianto Nursalam dan Ibunda Srina S. atas dukungan moril maupun materil yang telah diberikan kepada penulis dengan sepenuh hati selama ini demi keberhasilan penulis.
12. Sahabat-sahabatku dan Teman-temanku yang selama ini suka dan duka hidup sebagai mahasiswa kita rasakan bersama dan selalu setia menemaniku terima kasih atas do'a dan dukungannya.
13. Spesial untuk teman-teman angkatan 2014 "LACTEAL" yang telah memberikan dukungan dan motivasi serta banyak kenangan yang tak terlupakan selama ini.
14. Adik-adik angkatan 2015, 2016 dan 2017 terima kasih atas dukungan dan doanya selama ini.
15. Terimakasih juga untuk Edi Didi Purwanto yang selama ini mensupport dan menyemangati penulis, beserta Ancha Adriansyah Ridwan dan Ainul Hidayah.
16. Terimakasih juga kepada kakak Zulkarnain S.Si., M.Kes. (BIO 07) yang selama ini menjadi kakak panutan, dan kak Ati selaku admin jurusan yang sangat banyak membantu.
17. Terimakasih juga kepada sahabat sejati Nur Anugrah Mallombassi, St. Mardhatillah, Husnul, Susan, Samsinar, Sry Kurniati, Hayati, Sri Wahyuni, Fira, Sinar Wahyuni, yang selama ini selalu bersamanya suka dan duka.
18. Serta seluruh pihak terkait yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu atas doa, semangat, dukungan, saran dan pemikiran yang diberikan kepada penulis.

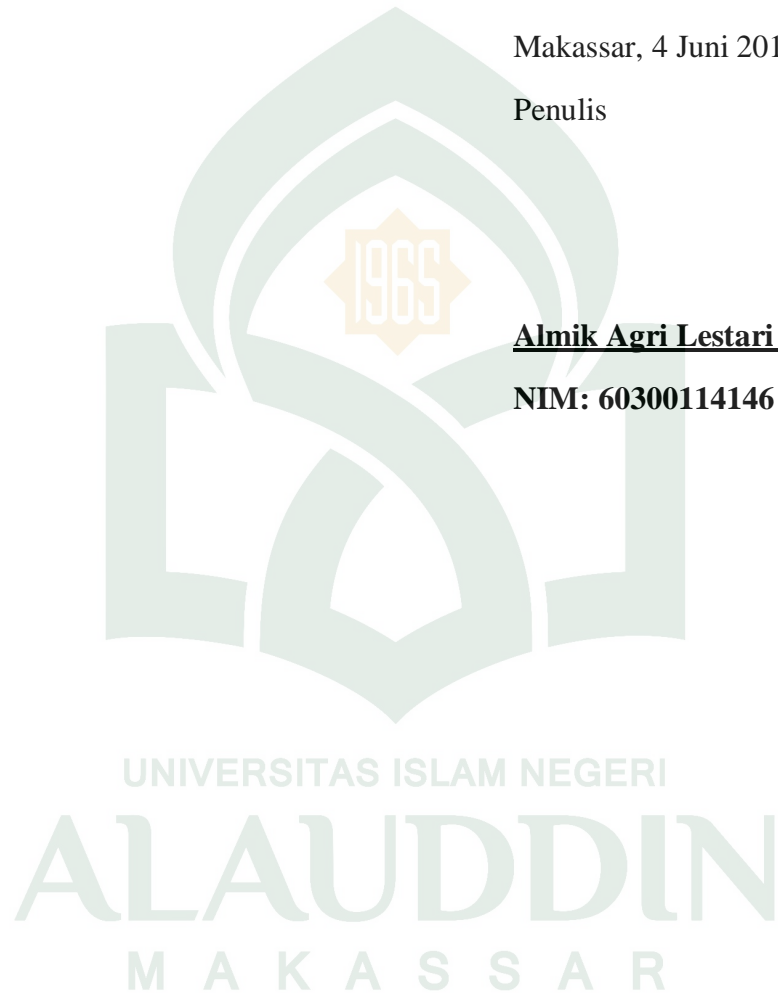
Akhirnya dengan segala kerendahan hati saya menyadari bahwa hanya kepada ALLAH swt jualah saya menyerahkan segalanya. Semoga kita semua mendapat curahan & Rihdo dari-Nya, Aamiin...

Makassar, 4 Juni 2018

Penulis

Almik Agri Lestari Nursalam

NIM: 60300114146



DAFTAR ISI

JUDUL	i
PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI.....	ii
PENGESAHAN SKRIPSI	iii
PERSETUJUAN PEMBIMBING	iv
KATA PENGANTAR	v-vii
DAFTAR ISI	viii-ix
DAFTAR TABEL	x
DAFTAR GAMBAR.....	xi
ABSTRAK	xii
ABSTRACT	xiii
BAB I PENDAHULUAN.....	1-11
A. Latar Belakang	1
B. Rumusan Masalah	9
C. Ruang Lingkup Penelitian	9
D. Kajian Pustaka.....	10
E. Tujuan Penelitian.....	11
F. Kegunaan Penelitian.....	11
BAB II TINJAUAN TEORITIS.....	12-33
A. Ayat dan Hadis yang Relevan	12
B. Tinjauan Umum Identifikasi Molekuler	15
C. Tinjauan Umum Bakteri	20
D. Tinjauan Umum Saliva Anjing	23
E. Tinjauan Umum Anjing	25

F. Kerangka Pikir	33
BAB III METODOLOGI PENELITIAN	34-42
A. Jenis Pendekatan Penelitian	34
B. Variabel Penelitian	34
C. Definisi Operasional Variabel	34
D. Instrumen Penelitian	34
E. Prosedur Kerja	36
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	42-61
A. Hasil Penelitian	42
B. Pembahasan	49
BAB V PENUTUP	61-62
A. Kesimpulan	61
B. Saran	62
DAFTAR PUSTAKA	63-67
LAMPIRAN-LAMPIRAN	68-82
DAFTAR RIWAYAT HIDUP	83

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1.Komposisi Primer Mix	40
Tabel 4.1.Hasil Idnetifikasi Molekuler Anjing (<i>Canis lupus familiarid</i>) Ras Pitbull menggunakan BLAST dari NCBI	42
Tabel 4.2.Hasil Idnetifikasi Molekuler Anjing (<i>Canis lupus familiarid</i>) Ras Pitbull menggunakan BLAST dari NCBI	44



DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1. Proses PCR	18
Gambar 2.2. Anjing ras <i>pitbull</i>	26
Gambar 2.3. Anjing <i>Border Collie</i>	28
Gambar 2.4. Anjing <i>Beagle</i>	28
Gambar 2.5. Anjing <i>Curly Coated Retriever</i>	29
Gambar 2.6. Anjing <i>Boston Terrier</i>	30
Gambar 2.7. Anjing <i>Akita</i>	30
Gambar 2.8. Anjing <i>Affenpinscher</i>	31
Gambar 2.9. Anjing <i>Bedlington Terrier</i>	32

ABSTRAK

Nama : Almik Agri Lestari Nursalam
NIM : 60300114146
Judul Skripsi : Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull

Identifikasi molekuler adalah metode yang digunakan untuk mengetahui dan mengklasifikasikan spesies pada organisme melalui beberapa tahapan. Tahapan identifikasi dengan metode molekuler diawali dengan ekstraksi deoxyribonucleic acid (DNA), amplifikasi DNA menggunakan alat PCR (*Polymerase Chain Reaction*), sekuensing dan analisis hasil sekuensing. Identifikasi bakteri dilakukan menggunakan primer gen 16 rRNA yang merupakan primer universal untuk identifikasi pada bakteri. Penelitian ini menggunakan sampel air liur pada anjing (*Canis lupus familiaris*) ras pitbull. Pada saliva anjing terdapat mikroorganisme sebagai flora normal yang hidup pada oral anjing pitbull. Mikroorganisme tersebut diantaranya adalah bakteri patogen penyebab suatu penyakit. Anjing pitbull merupakan peliharaan yang memiliki sifat agresif dan dapat menjadi anjing pekerja dan digolongkan sebagai anjing petarung. Hasil penelitian menunjukkan bakteri yang diperoleh dari sampel saliva adalah bakteri dengan species *Bergeyella porcorum*, *Bergeyella zoohelcum*, *Persicobacter diffluens*, *Persicobacter psychroavidus*, *Flexibacter elegans*, *Limnobacter litoralis*, *Riemerella anatipestifer*, *Chryseobacterium gallinarum*, *Chryseobacterium bernardetii*, *Chryseobacterium carnipullorum*, *Chryseobacterium shigense*, *Chryseobacterium vietnamense*, *Chryseobacterium humi*, *Chryseobacterium aquifrigidens*, *Chryseobacterium jejuense*, *Chryseobacterium luteum*, *Chryseobacterium flavum*, *Porphyromonas pasteri* dan *Arcicella rigui*. *Daejeonia ginsenosidivorans*, *Chryseobacterium sediminis*, *Chryseobacterium frigidum*, *Chryseobacterium shandongense*, *Chryseobacterium trucae*, *Chryseobacterium viscerum*, *Chryseobacterium oleae*, *Chryseobacterium contaminans*, *Chryseobacterium artocarpi* dan *Chryseobacterium gwangjuense*.

Kata kunci: Identifikasi molekuler, gen 16 rRNA, bakteri saliva, saliva anjing, pitbull

ABSTRACT

Name : Almik Agri Lestari Nursalam
SIN : 60300114146
Minithesis title : Identification of molecular bacteria in dog saliva (*Canis lupus familiaris*) Pitbull race

Molecular identification is the method used to identify and classify species in organisms through several stages. The identification step with the molecular method begins with the extraction of deoxyribonucleic acid (DNA), DNA amplification using PCR (Polymerase Chain Reaction) tools, sequencing and sequencing analysis. This study used saliva samples in dogs (*Canis lupus familiaris*) pitbull races. Bacterial identification was performed using a 16 sRNA primer gene which is a universal primer for bacterial identification. In dog saliva there are microorganisms as normal flora that live on oral pitbull dog. Such microorganisms are pathogenic bacteria that cause a disease. A pitbull is a pet that has an aggressive nature and can be a worker's dog and is classed as a fighting dog. The results showed that bacteria obtained from saliva samples were bacteria with species *Bergeyella porcorum*, *Bergeyella zoohelcum*, *Persicobacter diffluens*, *Persicobacter psychrovividus*, *Flexibacter elegans*, *Limnobacter litoralis*, *Riemerella anatipestifer*, *Chryseobacterium gallinarum*, *Chryseobacterium bernardetii*, *Chryseobacterium carnipullorum*, *Chryseobacterium shigense*, *Chryseobacterium vietnamense*, *Chryseobacterium humi*, *Chryseobacterium aquifrigidens*, *Chryseobacterium jejuense*, *Chryseobacterium luteum*, *Chryseobacterium flavum*, *Porphyromonas pasteri* dan *Arcicella rigui*. *Daejeonia ginsenosidivorans*, *Chryseobacterium sediminis*, *Chryseobacterium frigidum*, *Chryseobacterium shandongense*, *Chryseobacterium trucae*, *Chryseobacterium viscerum*, *Chryseobacterium oleae*, *Chryseobacterium contaminans*, *Chryseobacterium artocarpi* dan *Chryseobacterium gwangjuense*.

Keywords: Molecular identification, gen 16 rRNA, saliva bacteria, dog saliva, pitbull

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Islam adalah agama yang sempurna dan sesuai dengan fitrah manusia, setiap orang iman pasti yakin bahwa al-Qur'an adalah kitab yang sangat istimewa, dari segi hukumnya yang selalu sesuai untuk setiap tempat dan zaman, memiliki bahasa yang fasih dan indah serta ceritanya yang pasti benar. Tanda yang paling jelas bagi orang yang dicintai adalah mengikuti kehendak yang dicintai. al-Qur'an adalah kitab yang dicintai oleh orang iman karena cinta mereka kepada Allah, perintah al-Qur'an adalah perintah Allah, larangan al-Qur'an adalah larangan Allah, tunduk pada al-Qur'an berarti tunduk pada Allah, menentang al-Qur'an berarti menentang dan membenci Allah, percaya pada menentang al-Qur'an berarti percaya dengan Allah yang mana menentang al-Qur'an ini sebagai kalam Allah. Begitu pula dengan segala citaan Allah tidaklah ada yang sia-sia, hal tersebut dijelaskan dalam firman Allah dalam QS Ali Imran/3 :190-191:

إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمُوتِ وَالْأَرْضِ وَاخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ لَآيَاتٍ لِّأُولِي الْأَلْبَابِ
 ١٩٠ الَّذِينَ يَذْكُرُونَ اللَّهَ قِيَمًا وَقُعُودًا وَعَلَىٰ جُنُوبِهِمْ وَيَتَفَكَّرُونَ فِي خَلْقِ
 السَّمُوتِ وَالْأَرْضِ رَبَّنَا مَا خَلَقْتَ هَذَا بَطْلًا سُبْحَانَكَ فَقِنَا عَذَابَ النَّارِ ١٩١

Terjemahnya:

Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi, dan silih bergantinya malam dan siang terdapat tanda-tanda bagi orang-orang yang berakal. (yaitu) orang-orang yang mengingat Allah sambil berdiri atau duduk atau dalam keadan berbaring dan mereka memikirkan tentang penciptaan langit dan bumi (seraya berkata): "Ya Tuhan

kami, tiadalah Engkau menciptakan ini dengan sia-sia, Maha Suci Engkau, maka peliharalah kami dari siksa neraka (Kementrian Agama RI, 2009).

Makna pada ayat di atas yaitu bahwa Allah berfirman “Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi” artinya yaitu pada ketinggian dan keluasan langit dan juga pada kerendahan bumi serta kepadatannya. Dan juga tanda-tanda kekuasaan Allah yang pada ciptaanNya yang dapat dijangkau oleh indera manusia pada keduanya (langit dan bumi), baik yang berupa bintang-bintang, komet, daratan dan lautan, pegunungan dan pepohonan, tumbuh-tumbuhan, tanaman, buah-buahan, binatang, barang tambang serta berbagai macam warna dan aneka ragam makanan dan bebauan. “Dan silih bergantinya malam dan siang” yaitu silih bergantinya, susul menyusulnya, panjang dan pendeknya. Terkadang ada malam yang lebih panjang dan siang yang pendek. Lalu masing-masing menjadi seimbang. Setelah itu, salah satunya mengambil masa dari yang lainnya sehingga yang terjadi pendek menjadi lebih panjang dan yang diambil menjadi pendek yang sebelumnya panjang (Abdullah, 2003).

Semua itu merupakan ketetapan Allah yang Maha Perkasa lagi Maha Mengetahui. Oleh karena itu Allah berfirman “Terdapat tanda-tanda bagi orang yang berakal (Uulul Albaab)” yaitu mereka yang mempunyai akal yang sempurna lagi bersih, yang mengetahui hakikat banyak hal secara jelas dan nyata. Mereka bukanlah orang tuli dan bisu yang tidak berakal (Abdullah, 2003).

Sungguh Allah mencela orang yang tidak mengambil pelajaran tentang makhluk-makhlukNya yang menunjukkan kepada dzatNya, sifatNya, syari'atNya, kekuasaanNya dan tanda-tanda kekuasaanNya (Abdullah, 2003).

Dan di sisi lain Allah memuji pada hamba-hambaNya yang beriman ”(Yaitu) orang-orang yang mengingat Allah sambil berdiri atau duduk atau dalam keadaan berbaring dan mereka memikirkan tentang penciptaan langit dan bumi” yang mana mereka berkata “Ya Rabb kami, tiadalah Engkau menciptakan semuanya ini dengan sia-sia”, artinya, Engkau tidak menciptakan semuanya ini dengan sia-sia, tetapi dengan penuh kebenaran, agar Engkau memberikan balasan kepada orang-orang yang beramal buruk terhadap apa-apayang telah mereka kerjakan dan juga memberikan balasan orang-orng yang beramal baik dengan balasan yang lebih baik (surga). Kemudian mereka menyucikan Allah dari perbutan sia-sia dan penciptaan yang bathil seraya berkata “Mahasuci Engkau” yaitu dari menciptakan sesuatu yang sia-sia. “Maka peliharalah kami dari siksa neraka” maksudna wahai Rabb yang menciptakan makhluk ini dengan sungguh-sungguh dan adil.Wahai Dzat yang jauh dari kekurangan, aib dan kesia-siaan, peliharalah kami dari adzab neraka dengan daya dan kekuatanMu. Dan berikanlah taufik kepada kami dalam menjalankan amal shalih yang dapat mengantarkan kami ke surga serta menyelamatkan kami dari adzabMu yang sangat pedih (Abdullah, 2003).

Kaitan pada ayat di atas dengan penelitian ini yaitu pada firman Allah “tiadalah Engkau menciptakan ini dengan sia-sia”, seperti halnya bakteri, anjing bahkan saliva pada makhluk hidup juga merupakan ciptaan Allah SWT yang tidak

memiliki kesia-siaan karena pada masing-masing ciptaan Allah SWT tersebut memiliki manfaat. Allah SWT telah menciptakan segala sesuatunya dengan sangat rapi, dalam firman Allah SWT pada QS Al-Furqan/25:2, telah Allah jelaskan sebagai berikut:

الَّذِي لَهُ مُلْكُ السَّمَوَاتِ وَالْأَرْضِ وَلَمْ يَتَّخِذْ وَلَدًا وَلَمْ يَكُنْ لَهُ شَرِيكٌ فِي الْمُلْكِ
وَخَلَقَ كُلَّ شَيْءٍ فَقَدَرَهُ تَقْدِيرًا ۚ

Terjemahnya:

yang kepunyaanNya adalah kerajaan langit dan bumi, dan Dia tidak mempunyai anak, dan tidak ada sekutu bagiNya dalam kekuasaanNya, dan dia telah menciptakan segala sesuatu, dan Dia menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya (Kementrian Agama RI, 2009).

Menurut Abdullah (2003) dalam tafsir Ibnu Katsir yaitu pada firman Allah “yang kepunyaanNya adalah kerajaan langit dan bumi, dan Dia tidak mempunyai anak, dan tidak ada sekutu bagiNya dalam kekuasaanNya”, Allah SWT sucikan diriNya dari memiliki anak dan sekutu. Lalu Dia mengabarkan bahwa Dia “Telah menciptakan segala sesuatu, dan Dia menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya” yang artinya segala Sesutu selain Dia adalah makhluk (yang diciptakan) dan *marbub* (yang berada di bawah kekuasaanNya). Dialah pencipta segala sesuatu, Rabb, Raja dan IlahNya. Sedangkan segala sesuatu berada di bawah kekuasaan, aturan, tatanan dan takdirNya.

Hubungan ayat di atas pada kalamullah yang menyebutkan “Dia Telah menciptakan segala sesuatu, dan Dia menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya” yaitu bakteri merupakan ciptaan Allah SWT yang memiliki ukuran mikro sedangkan hewan berupa anjing memiliki ukuran yang makro, namun keduanya dapat

saling bersimbiosis. Kemudian dalam firman Allah SWT pada QS. Ali-Imran/3:190 “terdapat tanda-tanda bagi orang-orang yang berakal” yaitu dengan ciptaan Allah di alam ini dapat kita teliti dan pelajari sebagai salah satu tanda ketaatan kita sebagai hambanya Allah SWT dan al-Qur’an sebagai pedoman hukum.

Dalam Islam tidak hanya al-Quran sebagai pedoman umatnya namun juga sunah Rasulullah saw. menjadi salah satu hukum yang harus dithaati oleh umatnya. Cinta kepada Allah adalah salah satu kewajiban utama bagi orang iman, kesempurnaan iman seseorang bergantung pada seberapa besar cintanya kepada Allah. Orang yang mencintai Allah pasti mencintai Rasulullah, orang-orang iman dan mencintai apapun yang dicintai Allah serta benci apapun yang dibenci oleh Allah. Orang yang cinta Allah pasti mencintai al-Quran sebagai kalamullah dan mencintai Rasulullah saw. sebagai penyampai al-Quran. Rasulullah saw. bersabda:

وَمَا اجْتَمَعَ قَوْمٌ فِي بَيْتٍ مِنْ بُيُوتِ اللَّهِ يَتْلُونَ كِتَابَ اللَّهِ وَيَتَدَارَسُونَ بَيْنَهُمْ إِلَّا نَزَلَتْ عَلَيْهِمُ السَّكِينَةُ وَغَشِيَتْهُمْ الرَّحْمَةُ وَحَفَّتْهُمُ الْمَلَائِكَةُ وَذَكَرَهُمُ اللَّهُ فِيمَنْ عِنْدَهُ
(رواه مسلم)

Artinya:

Dan tidaklah berkumpul sekelompok orang dalam salah satu rumah-rumah Allah (mesjid) mereka membaca kitab Allah dan mereka saling mempelajarinya, kecuali ketenangan turun kepada mereka, rahmat menutupi mereka, malaikat mengelilingi mereka dan Allah menyebut-nyebut mereka di kalangan para malaikat yang ada di sisiNya (HR. Muslim).

Salah satu hukum dari Rasulullah saw. yang harus kita amalkan adalah tentang najisnya air liur anjing. Dikalangan masyarakat Islam, anjing disinonimkan

dengan perkataan najis besar (mughalladzah). Oleh karena itu umumnya masyarakat di Indonesia yang mayoritas umat muslim banyak yang tidak mau mendekati anjing, apalagi menyentuhnya. Anjing sebagai sesuatu yang najis, terkutip dalam hadist riwayat Muslim. Rasulullah saw. bersabda:

حَدَّثَنَا زُهَيْرُ بْنُ حَرْبٍ حَدَّثَنَا إِسْمَاعِيلُ بْنُ إِبْرَاهِيمَ عَنْ هِشَامِ بْنِ حَسَّانَ عَنْ مُحَمَّدِ بْنِ سِيرِينَ عَنْ أَبِي هُرَيْرَةَ قَالَ قَالَ رَسُولُ اللَّهِ صَلَّى اللَّهُ عَلَيْهِ وَسَلَّمَ طَهُورُ إِنَاءٍ أَحَدِكُمْ إِذَا وَلَغَ فِيهِ الْكَلْبُ أَنْ يَغْسِلَهُ سَبْعَ مَرَّاتٍ أَوْ لَاهُنَ بِالْتُّرَابِ

Artinya:

Dan telah menceritakan kepada kami Zuhair bin Harb telah menceritakan kepada kami Ismail bin Ibrahim dari Hisyam bin Hassan dari Muhammad bin Sirin dari Abu Hurairah dia berkata, "Rasulullah shallallahu 'alaihi wasallam bersabda: "Sucinya bejana kalian apabila ia dijilat oleh anjing adalah dengan mencucinya tujuh kali, yang pertama dengan tanah." (HR. Muslim No. 420).

Anjing adalah hewan yang banyak mengeluarkan air liur karena anjing tidak memiliki kelenjar keringat, sehingga anjing menurunkan panas tubuhnya untuk mengatur suhu tubuhnya dengan memproduksi air liur lebih banyak. Kelenjar saliva terbagi menjadi 2 bagian yaitu kelenjar saliva mayor (*parotid*, *mandibularis*, *sublingual* dan *zygomaticus*), dan kelenjar saliva minor yang terdapat di daerah ventral buccalis (Peter 1997). Sekresi saliva distimulasi oleh *N. Facialis* (superior) dan *N. Glossopharyngeus* (inferior), keduanya dipengaruhi oleh sistem saraf simpatis (komposisi air liur) dan parasimpatis (volume air liur). Sedangkan rangsangan terhadap sekresi saliva dipengaruhi oleh berbagai faktor, antara lain: panca indera (perasa, penciuman dan penglihatan), mekanik (mastikasi), iritasi atau infeksi, hormonal (*bradikinin*) dan obat (*atropin*) (Sjuhada dalam Hakim, 2008).

Kontak langsung dengan anjing dapat memudahkan mikroorganisme patogen berpindah ke manusia melalui sentuhan kulit, gigitannya, urin, maupun air liur. Patogen yang ditularkan anjing diantaranya bakteri: *Bartonella alsatica*, *Brucella canis*, dan *Capnocytophaga canimorsus*, cacing: *Cryptosporidium* sp., *Toxocara canis*, *Giardia duodenalis*, serta virus rabies (Stull dkk., 2015). Hal ini didukung hasil penelitian Sivakami, dkk. yang mengidentifikasi air liur anjing liar dari *Thiruvottiyur, Chennai*, yang hasilnya menunjukkan air liur pada hewan tersebut mengandung beberapa bakteri patogen, yang paling umum diantaranya yaitu *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus* sp., *Escherichia coli*, *Corynebacterium* sp. (Sivakami dkk., 2015 dalam Eriatna, 2017).

Berbagai variasi anjing yang telah berkembang menjadi ratusan ras, ukuran pada anjing pun yang mulai dari beberapa puluh cm seperti Cihuahua hingga yang bisa mencapai lebih dari satu meter yaitu Irish Wolfhound. Warna bulu yang beraneka ragam antara lain putih, hitam, merah, abu-abu dan coklat. Anjing juga memiliki berbagai macam bulu, sangat pendek hingga mencapai beberapa sentimeter. Bulu anjing yang lurus dan keriting, serta bertekstur kasar hingga lembut (American Kennel Club, 1992 dalam Eriatna, 2017).

Anjing (*Canis lupus familiaris*) merupakan mamalia karnivora yang telah mengalami domestikasi dari serigala abu-abu (*Canis lupus*) sejak 15.000 tahun yang lalu atau mungkin sudah sejak 100.000 tahun yang lalu berdasarkan bukti genetik berupa penemuan fosil dan tes DNA. Beberapa penelitian lain mengungkapkan sejarah domestikasi anjing yang belum begitu lama (Case, 1999).

Menurut FCI (*Federation Cynologique Internationale*), secara garis besar anjing diklasifikasikan menjadi 9 grup yaitu *Spits breeds*, *Mastif breeds*, *Sight Hounds breeds*, *Scent Hounds breeds*, *Gundogs breeds*, *Herding breeds*, dan *Toy breeds*, 9 grup tersebut dikelompokkan berdasarkan peran sosial dan tradisional anjing pada masa pertanian, yaitu masa ketika anjing tumbuh dan berkembang dalam berbagai ras/trah (*breed*). FCI adalah otoritas Kinologi Internasional terbesar di dunia yang didirikan pada tahun 1911 dan berpusat di Thuin, Belgia yang beranggotakan sebanyak 83 negara.

American Pit Bull Terrier (APBT) merupakan salah satu ras yang tertua yang merupakan ras anjing yang asli (*original dog*), ras anjing ini memiliki suatu kelebihan dibandingkan dengan ras jenis lain, adapun kelebihan yang dimiliki berupa tenaga yang paling besar dibandingkan dengan ras lain, tahan terhadap rasa sakit, sifat pantang menyerah, tempramen stabil. Kelebihan tersebut didapatkan dari leluhur APBT yang dahulunya digunakan sebagai anjing petarung. Leluhur APBT yang diadu dengan sesama anjing ataupun dengan banteng (*bull baiting*) dan beruang (*bear baiting*) yang mengharuskan leluhur APBT beradaptasi dengan keadaan tersebut. Adaptasi yang dilakukan oleh leluhurnya tersebut membuat keturunan APBT memiliki sifat-sifat yang menyerupai leluhurnya. Karena pada zaman sekarang adu anjing dilarang maka untuk mengetahui sifat-sifat dasar APBT digunakan berbagai cara dengan mengadakan adu tarik tali, adu tarik beban dan lain-lain.

Berdasarkan uraian di atas terlihat perbedaan pada ayat yang menjelaskan bahwa “ciptaan Allah tidak ada yang sia-sia” sedangkan pada hadits terdapat sabda

Rasul yang menjelaskan bejana bekas jilatan anjing diperintahkan untuk mencucinya sebanyak “tujuh kali dan yang pertama menggunakan tanah”. Hal tersebut menandakan bahwa kita harus membuang/menghilangkan bekas dari jilatan anjing tersebut. Dengan perbedaan ayat dan hadist tersebut dibutuhkan identifikasi lebih lanjut. Maka sebagai umat Islam yang beriman kepada Allah swt. dan Rasulullah saw. sebagai bentuk kecintaan terhadap al-Qur’an dan hadist maka dilakukan penelitian identifikasi molekuler saliva anjing ini.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian di atas maka rumusan masalah pada penelitian ini adalah jenis bakteri apa yang terdapat pada saliva anjing ras pitbull?

C. Ruang Lingkup Penelitian

Penelitian ini dibatasi hanya untuk mengidentifikasi bakteri apa saja yang terdapat pada saliva anjing dengan ras pitbull.

1. Sampel air liur anjing (*Canis lupus familiaris*) ras pitbull diperoleh di kota Makassar, sampel yang diperoleh dengan cara swab menggunakan swab steril dan air liur murni yang ditampung didalam pot sampel steril. Saliva adalah cairan biologis yang kompleks dan tidak berwarna pada oral yang terdiri atas campuran sekresi dari kelenjar saliva mayor (*glandula parotis*, *submandibularis*, dan *sublingualis*) dan kelenjar saliva minor (*glandula buccalis*, *glandula palatinalis*, *glandula lingualis* dan *glandula labialis*).

2. Identifikasi molekuler merupakan metode untuk menganalisis spesies secara akurat dari suatu organisme seperti pada identifikasi bakteri saliva anjing (*Canis lupus familiaris*), dengan amplifikasi Gen 16S rRNA menggunakan PCR sehingga diketahui spesies bakteri patogen yang diperoleh dari hasil sekuensing urutan nukleotida yang telah dimasukkan pada program BLAST dan dicocokkan dengan data spesies yang ada pada Gen Bank NCBI.
3. Bakteri patogen merupakan agen biologis penyebab suatu penyakit yang menginfeksi pada organisme mengakibatkan munculnya gejala-gejala abnormal sehingga merugikan inangnya. Bakteri patogen biasa juga disebut dengan parasit.
4. Penelitian ini di laksanakan pada 22 Februari sampai dengan 23 Februari 2018 di Laboratorium molekuler Hasanuddin University Medical Reserch.

D. Kajian Pustaka / Penelitian Terdahulu

Dalam kajian pustaka dibahas beberapa temuan hasil penelitian sebelumnya untuk melihat kejelasan arah, originalitas, kemanfaatan, dan posisi dari penelitian ini, dibandingkan dengan beberapa temuan penelitian yang dilakukan sebelumnya yaitu sebagai berikut:

1. Hakim (2008) pada penelitiannya berjudul “Tanah Dan Sabun Tanah Sebagai Bahan Antimikroba Terhadap Air Liur Anjing” yang menggunakan metode identifikasi bakteri pada tanah dan identifikasi bakteri pada air liur anjing. Hasil yang diperoleh dari sampel air liur anjing ditemukan genus bakteri *Micrococcus*

sp. sebanyak 4 isolat dengan morfologi *coccus*, merupakan bakteri gram positif dan memiliki struktur soliter dan bergerombol.

2. Eriatna (2008) dalam penelitiannya berjudul “Aktivitas Antibakteri Sabun Tanah Bentonit dan Kaolin terhadap Bakteri Air Liur Anjing ”yang menggunakan sampel pada 3 ras anjing yang berbeda, yaitu anjing ras pitbull, herder dan beagle. Berdasarkan hasil uji pewarnaan gram, uji biokimia dan identifikasi menggunakan buku *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* dan *Manual for the Identification of Medical Bacteria* terdapat 6 genus bakteri pada ketiga sampel anjing. Genus bakteri yang teridentifikasi pada anjing pitbull yaitu *Bacillus sp.* dan *Shigella sp.* Anjing Herder memiliki 3 genus yang berbeda yaitu *Micrococcus sp.*, *Shigella sp.*, dan *Nisseria sp.* Sedangkan anjing beagle memiliki 3 genus yang berbeda yaitu *Micrococcus sp.*, *Pseudomonas sp.*, dan *Nisseria sp.* Genus bakteri yang sama belum tentu memiliki spesies bakteri yang sama.

E. Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi bakteri yang terdapat pada saliva anjing ras pitbull.

F. Kegunaan Penelitian

Kegunaan dalam melakukan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Memberikan informasi dan wawasan terhadap pengembangan ilmu pengetahuan biologi yang berkaitan dengan ayat al-Qur'an dan hadis.
2. Memberikan informasi bakteri yang terdapat pada saliva anjing ras pitbull.
3. Dapat dijadikan sumber informasi bagi penelitian selanjutnya.



BAB II

TINJAUAN TEORITIS

A. Ayat dan Hadis yang Relevan

Allah SWT menciptakan segala sesuatu yang ada di bumi ini untuk kesejahteraan manusia. Dalam hal ini mikroorganisme yang ada, juga diciptakan Allah SWT untuk kepentingan manusia. Allah SWT juga mengendalikan segala macam benda yang diciptakannya, baik benda-benda itu terdapat dipermukaan bumi seperti binatang ternak ataupun mikroorganisme. Kesemuanya itu diciptakan oleh Allah SWT beraneka ragam bentuknya dan manfaatnya bermacam-macam pula. Allah berfirman dalam QS. An-Nahl/16: 13, yang menyatakan bahwa segala ciptaan Allah swt. di bumi hanya diperuntukkan bagi manusia.

وَمَا ذَرَأَ لَكُمْ فِي الْأَرْضِ مُخْتَلَفًا أَلْوَنَ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَةً لِّقَوْمٍ يَذَّكَّرُونَ ١٣

Terjemahnya:

“dan Dia (menundukkan pula) apa yang Dia ciptakan untuk kamu di bumi ini dengan berlain-lainan macamnya. Sesungguhnya pada yang demikian itu benar-benar terdapat tanda (kekuasaan Allah) bagi kaum yang mengambil pelajaran”.

Firman Allah “*dan Dia (menundukkan pula) apa yang Dia ciptakan untuk kamu di bumi ini dengan berlain-lainan macamnya.*” Ketika Allah Ta’ala telah mengingatkan atas tanda-tanda yang ada di langit, Dia mengatakan atas apa yang Dia ciptakan di bumi, berupa benda-benda yang menakjubkan dan berbagai macam sesuatu, diantaranya binatang-binatang, benda-benda tambang, tumbuh-tumbuhan, dan benda-benda mati, dengan berbagai macam warna dan bentuknya termasuk

kegunaan dan keistimewaannya. *“Sesungguhnya pada yang demikian itu benar-benar terdapat tanda (kekuasaan Allah) bagi kaum yang mengambil pelajaran.”* Maksudnya, yaitu anugerah dan nikmat Allah, maka mereka mensyukurinya (Abdullah, 2003).

Ayat di atas menjelaskan bahwa semua makhluk yang ada di alam semesta ini Allah SWT ciptakan tidak semata-mata hanya untuk melengkapi isi langit dan bumi. Tapi Allah SWT menciptakan segala sesuatu untuk memberikan manfaat bagi semuanya. Seperti halnya dengan saliva pada makhluk hidup memiliki banyak manfaat dalam makhluk hidup itu sendiri yang mana di dalamnya terdapat bakteri yang menguntungkan dan bakteri pathogen, bakteri tersebut bisa dimanfaatkan oleh manusia dalam berbagai bidang untuk diteliti. Dan bagi orang-orang yang dapat merubah sesuatu yang tidak bermanfaat menjadi bermanfaat, kemudian digunakan/diikuti oleh orang lain maka akan dicatat untuknya pahala sebanyak yang diperoleh orang-orang yang mengikutinya atau menfaatkannya tanpa mengurangi sedikitpun pahala yang mereka peroleh, sesuai dengan Sabda Rasulullah saw:

حَدَّثَنَا يَحْيَى بْنُ أَيُّوبَ وَقُتَيْبَةُ بْنُ سَعِيدٍ وَابْنُ حُجْرٍ قَالُوا حَدَّثَنَا إِسْمَاعِيلُ
يَعْنُونَ ابْنَ جَعْفَرٍ عَنِ الْعَلَاءِ عَنْ أَبِيهِ عَنْ أَبِي هُرَيْرَةَ أَنَّ رَسُولَ اللَّهِ صَلَّى
اللَّهُ عَلَيْهِ وَسَلَّمَ قَالَ مَنْ دَعَا إِلَى هُدًى كَانَ لَهُ مِنَ الْأَجْرِ مِثْلُ أُجُورِ مَنْ
تَبِعَهُ لَا يَنْقُصُ ذَلِكَ مِنْ أُجُورِهِمْ شَيْئًا وَمَنْ دَعَا إِلَى ضَلَالَةٍ كَانَ عَلَيْهِ مِنَ
الْإِثْمِ مِثْلُ آثَامِ مَنْ تَبِعَهُ لَا يَنْقُصُ ذَلِكَ مِنْ آثَامِهِمْ شَيْئًا

Artinya

“Barang siapa dapat memberikan suri tauladan yang baik dalam Islam, lalu suri tauladan tersebut dapat diikuti oleh orang-orang sesudahnya, maka akan dicatat untuknya pahala sebanyak yang diperoleh orang-orang yang mengikutinya tanpa mengurangi sedikitpun pahala yang mereka peroleh. Sebaliknya, barang siapa memberikan suri tauladan yang buruk dalam Islam, lalu suri tauladan tersebut diikuti oleh orang-orang sesudahnya, maka akan dicatat baginya dosa sebanyak yang diperoleh orang-orang yang mengikutinya tanpa mengurangi dosa yang mereka peroleh sedikitpun.” (HR. Muslim No. 4830).

Suri tauladan dari Rasulullah saw. tersebut salah satunya tentang thaharah atau bersuci dari najis, baik itu bersuci dari najis mughallazah ataupun najis mukhaffafah. Air liur anjing merupakan jenis najis mughallazah, sebagaimana yang telah disabdakan oleh baginda nabi Muhammad saw. sebagai berikut:

حَدَّثَنَا مُحَمَّدُ بْنُ رَافِعٍ حَدَّثَنَا عَبْدُ الرَّزَّاقِ حَدَّثَنَا مَعْمَرٌ عَنْ هَمَّامِ بْنِ
مُنَبِّهِ قَالَ هَذَا مَا حَدَّثَنَا أَبُو هُرَيْرَةَ عَنْ مُحَمَّدٍ رَسُولِ اللَّهِ صَلَّى اللَّهُ
عَلَيْهِ وَسَلَّمَ فَذَكَرَ أَحَادِيثَ مِنْهَا وَقَالَ رَسُولُ اللَّهِ صَلَّى اللَّهُ عَلَيْهِ
وَسَلَّمَ طَهُورٌ إِنْ أَدْرِكْتُمْ إِذَا وَلَغَ الْكَلْبُ فِيهِ أَنْ يَغْسِلَهُ سَبْعَ مَرَّاتٍ

Artinya:

Telah menceritakan kepada kami Muhammad bin Rafi'telah menceritakan kepada kami Abdurrazzaq telah menceritakan kepada kami Ma'mar dari Hammam bin Munabbih dia berkata, ini yang diceritakan kepada kami oleh Abu Hurairah dari Muhammad, Rasulullah shallallahu 'alaihi wasallam -lalu dia menyebutkan hadits darinya-, Rasulullah shallallahu 'alaihi wasallam bersabda: "Sucinya bejana kalian apabila ia dijilat oleh anjing di dalamnya adalah dengan mencucinya tujuh kali." (HR. Muslim No. 421).

B. Tinjauan Umum Identifikasi Molekuler

Deoksiribonukleat Acid (DNA) adalah materi genetik yang membawa informasi genetik bagi seluruh makhluk hidup. DNA terdiri atas bagian yang mengkode genetik (ekson), bagian yang tidak mengkode genetik (intron) dan bagian yang mengatur regulasi genetik (Yuwono, 2008). Karena DNA memiliki fungsi membawa informasi genetik maka DNA sangat berguna dalam identifikasi suatu penyakit infeksius, kanker, kelainan genetik (Joshi, 2010), hingga forensik (Malik, 2012). Pengobatan akan lebih tepat sasaran jika mengacu pada diagnosis molekuler (Biswal 2016). Setelah tiga belas tahun lalu, Human Genome Project yang berhasil mencatat peranan gen-gen pada genom manusia dan kini dunia medis memasuki era farmakogenomik (Maheshwari, 2010) agar tercapainya *personalized medicine* (Rodriguez, 2015).

Bahan penyusun gen dan makromolekul adalah DNA yang memiliki untai ganda berbentuk heliks dan memiliki fungsi sebagai pewarisan sifat yang menyimpan beragam materi genetik. Setiap molekul DNA tersusun atas dua rantai panjang yang masing-masing tersusun dari empat jenis penyusun kimiawi yang biasa disebut nukleotida. Masing-masing nukleotida itu sendiri memiliki tiga bagian, yakni suatu molekul organik yang disebut basa nitrogen, suatu molekul gula pentosa/*deoxyribose* (gula berkarbon lima), dan gugus fosfat (Campbell *et al.*, 2008).

1. PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

Teknik amplifikasi DNA merupakan salah satu teknik identifikasi molekuler yang dapat digunakan sebagai sarana diagnosis suatu penyakit. Teknik ini bertujuan melipatngandakan untai DNA sampel sehingga dapat dianalisis dengan lebih jelas.

Polymerase Chain Reaction (PCR) adalah teknik amplifikasi DNA yang digunakan sejak awal ditemukannya teknik melipatngandakan untai DNA (Hoff, 2006).

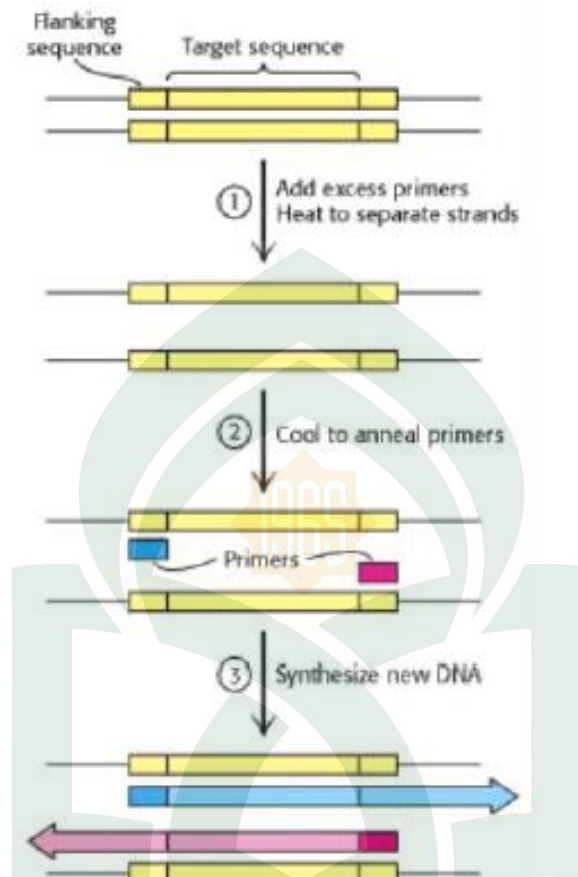
Kary Mullis adalah seorang biokimiawan yang mengembangkan PCR pada tahun 1984. PCR adalah suatu metode enzimatis di bidang biologi molekuler yang tujuannya untuk melipatgandakan secara eksponensial suatu sekuens nukleotida tertentu dengan jumlah kelipatan ribuan hingga jutaan salinan secara *in vitro* (Joshi, 2010). Ketika awal perkembangannya, metode ini hanya digunakan sebagai metode untuk melipatgandakan DNA, namun kemudian metode ini tidak hanya untuk dikembangkan untuk melipatgandakan DNA saja tetapi juga melipat gandakan dan melakukan kuantitas molekul mRNA (Yuwono, 2006).

PCR harus memiliki komponen-komponen yang dibutuhkan diantaranya fragmen DNA yang akan diamplifikasi (DNA cetakan), sepasang primer oligonukleotida, enzim DNA-polymerase termotabil yang tahan panas, empat macam nukleotida (dATP, dGTP, dCTP, dan dTTP) atau dNTP, serta bufer reaksi yang mengandung $MgCl_2$. Alat ini mampu mengubah temperatur yang dibutuhkan untuk siklus berulang secara cepat (Berg *et al.* 2007).

Proses PCR merupakan proses siklus yang berulang meliputi tahap denaturasi, annealing dan ekstensi. Pada tahap denaturasi, pemisahan kedua untai DNA pada temperatur tinggi. DNA akan terdenaturasi pada temperatur 90 hingga 97 °C. Pada teknik PCR, denaturasi optimum terjadi pada temperatur 95°C selama 30 detik. Untuk annealing, tahap penempelan primer pada pita DNA yang sesuai, pada suhu 55 hingga 60°C selama 30 detik. Selanjutnya pada tahap ekstensi oleh enzim DNA

polimerase pada suhu 72°C dalam waktu yang disesuaikan dengan panjang atau pendeknya ukuran DNA yang diharapkan sebagai produk amplifikasi (Fatchiyah, 2011). Umumnya, waktu yang digunakan untuk ekstensi DNA pada PCR yaitu 2 – 3 menit (Joshi, 2010).

Enzim DNA polimerase yang digunakan dalam tahap ekstensi adalah Taq DNA polimerase. Enzim ini diisolasi dari bakteri *Thermus aquaticus* BM (Taq) dan kemudian dikembangkan pada tahun 1988. *Thermus aquaticus* BM merupakan strain yang tidak memiliki endonuklease restriksi Taq (Yuwono, 2008). Taq DNA polimerase terdiri dari satu rantai polipeptida yang memiliki berat molekul kurang lebih 95 kD. Enzim ini memiliki kemampuan polimerisasi DNA yang sangat tinggi namun tidak memiliki aktivitas eksonuklease 3' ke 5'. Taq polimerase paling aktif pada pH 9-10. Enzim Taq DNA polimerase mampu tahan sampai suhu mendidih 100°C dan memiliki aktivitas optimal yaitu dapat berlangsung pada suhu 92-95°C. Seperti halnya pada replikasi DNA, enzim DNA polimerase mensintesis DNA dengan arah dari ujung 5' ke ujung 3' (Watson, 2004).



Gambar 2.1. Proses PCR (Berg *et al.* 2007)

Beberapa faktor yang menentukan tingkat keberhasilan teknik amplifikasi DNA menggunakan PCR. Faktor-faktor tersebut antara lain deoksiribo nukleotida triphosphat (dNTP), oligonukleotida primer, DNA cetakan (*template*), komposisi larutan buffer, jumlah siklus reaksi, enzim yang digunakan dan faktor teknis juga faktor non-teknis lainnya, seperti kontaminasi. Keunggulan dari PCR yaitu mampu melipat gandakan suatu fragmen DNA sehingga mencapai 109 kali lipat. Oleh karena itu apabila adanya kontaminasi dalam jumlah sangat sedikit sekalipun, dapat

mengakibatkan terjadinya kesalahan sehingga menghasilkan produk amplifikasi yang tidak diharapkan (Yuwono, 2006). Elektroforesis adalah teknik yang dapat dilihat dilalui sebelum ampikon atau hasil amplifikasi DNA menggunakan PCR. DNA ampikon diberi pewarnaan dengan ethidium bromide yang akan berfluoresens ketika dipaparkan pada sinar UV level medium dengan panjang gelombang 300nm dari UV transilluminator (Watson, 2004).

2. Elektroforesis

Elektroforesis merupakan teknik pemisahan molekul selular berdasarkan atas ukurannya, dengan menggunakan medan listrik yang dialirkan pada suatu medium yang mengandung sampel yang akan dipisahkan (Yuwono, 2005). Elektroforesis gel agarosa digunakan untuk mengetahui keberadaan dan membedakan jenis asam nukleat yang didapat dari hasil ekstraksi serta digunakan untuk menganalisis produk hasil pemotongan dengan enzim restriksi (Berg *et al.* 2007).

Dua komponen utama yang dimiliki teknik elektroforesis yaitu medium penyangga (kertas atau gel) dan larutan bufer. Medium penyangga memiliki fungsi sebagai reseptor titik dari senyawa-senyawa yang akan dipisahkan dan juga menyediakan jalur bagi migrasi komponen. Sedangkan buffer berfungsi sebagai konduktor arus, yaitu jembatan konduksi di antara dua elektroda, sehingga memungkinkan terjadinya aliran medan listrik dan menstabilkan pH. Untuk elektroforesis DNA dapat digunakan bufer Tris-asetat-EDTA (TAE) dan Trisborate-EDTA (TBE) (Sari, 2006).

Prinsip dasar pada elektroforesis yaitu berdasarkan laju perpindahan suatu molekul oleh gaya gerak listrik yang ada di dalam matriks gel. Laju perpindahan tersebut bergantung pada ukuran molekulnya, yaitu semakin kecil ukurannya maka molekul akan semakin cepat lajunya, begitu pula sebaliknya. Sampel molekul ditempatkan ke dalam sumur pada gel yang berada di dalam larutan penyangga dan dialirkan listrik pada tegangan tertentu. Molekul-molekul sampel akan bergerak di dalam matriks gel ke arah salah satu kutub listrik sesuai muatannya. Arah pergerakan pada RNA dan DNA yaitu menuju ke elektroda positif, hal tersebut karena adanya muatan negatif pada rangka gula-fosfat yang dimilikinya (Berg *et al.* 2007).

C. Tinjauan Umum Bakteri

Bakteri merupakan makhluk hidup yang berukuran mikro atau sangat kecil yang hanya dapat dilihat dengan menggunakan mikroskop. Ukuran bakteri yang akan diketahui dalam pemeriksaan mikrobiologis menggunakan satuan mikron (diberi simbol huruf μm), misalnya seperti pada pengukuran mikroorganisme berupa virus. Bakteri yang biasa diteliti di laboratorium kebanyakan berukuran antara 0,5-2 μm lebarnya dan 1-5 μm panjangnya. Sebelumnya, pengukuran ini dilakukan dengan jalan membandingkan ukuran butir darah merah, yang pada waktu itu sudah diketahui besarnya (Irianto, 2006).

Menurut Irianto (2006), bakteri memiliki bentuk yang bermacam-macam, yaitu sebagai berikut:

1. Bakteri Berbentuk Bulat (Bola)

Bakteri yang berbentuk bulat atau bola dinamakan kokus (coccus), hal tersebut dapat dikategorikan atas:

- a. Monokokus, adalah bakteri yang memiliki bentuk bola tunggal, contohnya *Neisseria gonorrhoeae*, penyebab penyakit kencing nanah.
- b. Diplokokus, adalah bakteri berbentuk bola yang bergandengan dua-dua, contohnya pada bakteri *Diplococcus pneumonia* yaitu bakteri penyebab penyakit pneumonia atau radang paru-paru.
- c. Sarkina, adalah bakteri yang memiliki bentuk bola yang berkelompok empat-empat, sehingga bentuknya terlihat seperti kubus.
- d. Streptokokus, adalah bakteri yang memiliki bentuk bola yang berkelompok memanjang membentuk rantai.
- e. Stafilokokus, adalah bakteri yang memiliki bentuk seperti bola yang berkoloni membentuk sekelompok sel tidak teratur, sehingga bentuknya mirip kumpulan atau dompolan buah anggur.

2. Bakteri Berbentuk Batang

Bakteri yang berbentuk batang disebut basilus (bacillus yang memiliki arti batang). Bentuk pada basilus terdiri atas:

- a. Basil tunggal, adalah bakteri yang berbentuk satu batang tunggal saja, contohnya pada bakteri *Salmonella typhi*, yaitu bakteri penyebab penyakit tifus.
- b. Diplobasil, adalah bakteri berbentuk batang yang bergandengan dua-dua.

- c. Streptobasil, adalah bakteri berbentuk batang yang bergandengan memanjang membentuk rantai misalnya pada bakteri *Bacillus anthracis* yang merupakan penyebab penyakit antraks.

3. Bakteri Berbentuk Melilit

Bakteri berbentuk melilit, yang dinamakan spirillum atau spiral. Ada tiga macam bentuk spiral, yaitu sebagai berikut.

- a. Spiral, adalah golongan bakteri yang memiliki bentuk seperti spiral, contohnya bakteri *Spirillum* sp. Memiliki sel tubuh yang umumnya kaku.
- b. Vibrio atau bentuk koma yang biasa dianggap sebagai bentuk spiral tak sempurna, contohnya *Vibrio cholera* penyebab penyakit kolera.

Spirochaeta (baca: spiroseta), adalah golongan bakteri yang memiliki bentuk spiral yang bersifat lentur. Pada saat bergerak, tubuhnya dapat memanjang dan mengerut (Irianto, 2006).

Flora normal merupakan sekumpulan mikroorganisme yang hidup pada kulit dan selaput lendir/mukosa manusia yang sehat maupun sakit. Pertumbuhan pada flora normal pada bagian tubuh tertentu dipengaruhi oleh suhu, kelembaban, nutrisi dan adanya zat penghambat. Keberadaan flora normal pada bagian tubuh tertentu memiliki peranan penting dalam pertahanan tubuh, hal tersebut dikarenakan flora normal dapat menghasilkan suatu zat yang menghambat pertumbuhan mikroorganisme lain. Kehadiran flora normal pada bagian tubuh tidak selalu menguntungkan, namun juga dalam kondisi tertentu flora normal dapat menimbulkan

penyakit atau bersifat patogen, misalnya apabila terjadi perubahan substrat atau berpindahnya dari habitat yang semestinya (Jawetz, 2005).

Keberadaan flora normal dalam tubuh manusia dapat bersifat manetap ataupun transient. Mikroba yang menetap tersebut mungkin menguntungkan bila ia berada pada lokasi yang semestinya dan tanpa adanya keadaan abnormal dan juga dapat dikatakan bukan penyebab suatu penyakit. Mereka dapat menyebabkan penyakit bila karena keadaan tertentu, berada di tempat yang tidak semestinya, atau bila ada faktor predisposisi (Jawetz, 2005).

D. Tinjauan Umum Saliva Anjing

Air liur yang merupakan komponen biologis yang unik pada rongga mulut memiliki potensi sebagai mediator untuk uji biologis noninvasive. Hingga saat ini penelitian dan pengembangan penggunaan sampel pada air liur sebagai mediator uji invasive masih dominan pada manusia, sementara untuk ternak/hewan peliharaan masih terbatas. Analisis proteomik merupakan teknik dan metode yang masih umum umum digunakan (Depamede, 2014).

Air liur anjing dihasilkan oleh kelenjar saliva yang termasuk didalam aksesoris sistem digestivus (*apparatus digestorius*). *Apparatus* digestivus terdiri dari rongga mulut, *pharynx*, *alimentary canal* dan kelenjar aksesorius. Gigi, lidah, kelenjar ludah, hati, *gallbladder*, pankreas dan kantung anal merupakan bagian dari kelenjar aksesorius (Evans 1993 dalam *skripsi* Eriatna, 2017:23).

Saliva merupakan salah satu dari cairan dalam rongga mulut yang diproduksi dan disekresikan oleh kelenjar saliva yang memiliki saluran untuk dialirkan kedalam rongga mulut. Kandungan air yang terdapat pada saliva sebanyak 98% dan sisanya yaitu elektrolit, mucus, dan beberapa enzim (Hasibuan, 1998; Winasa 1995 dalam *skripsi* Eriatna, 2017:23). Kelenjar saliva terbagi menjadi 2 bagian yaitu kelenjar saliva mayor dan kelenjar saliva minor. Pada kelenjar saliva mayor terdiri dari kelenjar *parotid*, *mandibular*, *sublingual* dan kelenjar *zygomaticus* sedangkan pada kelenjar saliva minor terdapat pada daerah *ventral buccalis*. Saliva memiliki peran yang sangat besar dalam proses mencegah terjadinya kerusakan gigi, yaitu dengan adanya komposisi saliva yang mengandung zat organik dan anorganik dengan kadar yang berbeda-beda tergantung masing-masing kelenjar saliva (Almeida, dkk., 2008 dalam *skripsi* Eriatna, 2017).

Air liur atau saliva merupakan cairan biologis yang kompleks dan unik yang disekresikan ke dalam rongga mulut oleh kelenjar-kelenjar ludah (*glandula parotis*, *submandibularis*, dan *sublingualis*) (Bone, 1982), yang merupakan cluster dari sel-sel yang dikenal sebagai *acini* atau sel-sel *acinar* (Pederson et al., 2002; Pfaffe et al., 2011). Sel-sel *acinar* ini mensekresikan berbagai senyawa dan molekul yang membangun air liur seperti air, elektrolit, mucus, enzim, protein, dan peptida (Pfaffe et al., 2011). Oleh Lamy et al., (2009) diuraikan lebih lanjut bahwa pada mamalia, fungsi utama air liur adalah sebagai pelumas/lubrikasi rongga mulut, melindungi jaringan rongga mulut, membantu proses mengunyah/mastikasi dan menelan/deglutasi serta berfungsi dalam menginisiasi proses reaksi enzimatik di

rongga mulut (Depamede, dkk., 2014). Fungsi faali utama air liur dalam menjaga kesehatan tubuh hewan dimulai dari pemrosesan makanan di dalam rongga mulut dan pada sistem pencernaan bagian atas (Mandel 1987, Ruhl et al., 2011).

E. Tinjauan Umum Anjing

Anjing memiliki berbagai variasi yang telah berkembang menjadi ratusan ras, tinggi anjing yang mencapai beberapa puluh cm seperti Cihuahua dan yang hingga lebih dari satu meter yaitu misalnya Irish Wolhound. Warna bulu pada anjing beraneka ragam diantaranya putih, hitam, merah, abu-abu dan coklat. Anjing juga memiliki beberapa macam bulu, sangat pendek hingga mencapai beberapa sentimeter. Bulu anjing yang lurus dan keriting serta bertekstur kasar hingga lembut (AKC, 1992 dalam *skripsi* Eriatna, 2017: 21).

Anjing merupakan hewan yang paling banyak dipelihara oleh manusia dan merupakan hewan yang pertama kali didomestifikasi atau disosialisasi kedalam kehidupan manusia. Sejak zaman purbakala anjing dapat dijadikan sahabat setia dan dapat membantu memudahkan cara hidup manusia (Dharmojono 2003). Menurut data oleh (Federation Cynologique Internationale) FCI yang bermarkas di Brussel sudah lebih dari empat ratus jenis anjing yang telah dikenal. Penggolongan pada anjing yang dilakukan oleh para ahli ini telah dilakukan pada abad ke-17, dengan mengklasifikasikan tiga puluh jenis anjing berdasarkan bentuk dan posisi telinga (Untung 1993).

Anjing pitbull yang biasa juga disebut sebagai anjing boxer merupakan salah satu anjing penjaga dari jerman. Anjing ras pitbull yang masuk ke Indonesia pada zaman penjajahan ini mempunyai karakter setia, dan sekali melangkah pantang menyerah. Tinggi badannya 56, 25 – 62, 5 cm (jantan) dan 52, 5 – 58, 25 (betina). Keistimewaan anjing cerdas ini adalah bentuk kepalanya yang nyeleneh dengan rahang bagian bawah lebih panjang dari pada rahang atas. Warna bulu anjing boxer umumnya coklat kekuningan dan belang-belang. Sebagai anjing pemburu, pekerja, penjaga, pelacak, boxer mempunyai gigitan atau daya cengkram rahang yang kuat.



Gambar 2.1. Anjing ras pitbull

Anjing ras tipe ini mempunyai bentuk kepala yang ramping. Jenis anjing ras Terrier sering dipakai sebagai anjing pemburu binatang kecil, selain itu anjing ini

juga dikenal sebagai anjing yang sangat pemberani. Umumnya, penamaan jenis anjing ras tipe ini selalu diikuti dengan kata Terrier, seperti *Bull Terrier*. Terrier sering dipelihara untuk dilatih sebagai teman berburu. Dibeberapa tempat di Indonesia, sebagian anjing jenis ini digunakan sebagai anjing aduan, seperti *Bull Terrier* atau *Pit Bull*. Kelompok anjing ini banyak dipelihara sebagai anjing pemburu, karena mempunyai kelebihan dengan daya gigitan yang sangat kuat. Klasifikasi anjing adalah sebagai berikut

Kingdom : Animalia
 Filum : Chordata
 Kelas : Mammalia
 Ordo : Canidae
 Genus : *Canis*
 Species : *C. lupus* (Yasin, 1992).

Menurut *American Kennel Club* (AKC, 1997 dalam skripsi Eriatna, 2017:21-23) mengklasifikasikan anjing kedalam 7 kategori berdasarkan fungsi anjing, antara lain:

1. *Herding*

Herding adalah anjing penggembala ternak yang memiliki keunggulan dalam mengatur gerakan hewan-hewan lain. Jenis *herding* digunakan para petani dan peternak untuk menjaga ternak dan formasi pada kawanan ternak. Anjing pada kategori ini yaitu diantaranya *Border Collies*, *Belgian Malinois*, *German Shepherd*, *Welsh Corgi*, *Canaan* dan *Australian Cattle*.



Gambar 2.2. Anjing *Border Collie*

2. *Hound*

Hound merupakan jenis anjing pemburu (*gun dog* atau *bird dog*) yang hanya memburu hewan yang merugikan manusia. Anjing *pointing breed* (sebagai penunjuk lokasi buruan), *setter* (sebagai pencari hewan buruan), *spaniel* dan *retriever* (berperan sebagai pemungut buruan). Kelompok ini antara lain *Basenji*, *Afghan Hound*, *Beagle*, *Basset Hound* dan *Harrier*.



Gambar 2.3. Anjing *Beagle*

3. *Sporting*

Anjing pada kategori *Sporting* ini memiliki karakteristik yang *hyperactive*. Anjing jenis ini dibesarkan untuk melihat dan bereaksi terhadap segala sesuatu, bahkan saat bergerak sekalipun. Anjing ini membutuhkan latihan dalam kesehariannya yang penuh semangat, seperti lari. Berjalan-jalan di sekitar blok tidak cukup bagi anjing kelompok ini. Kelompok anjing *sporting* yaitu *American Water Spaniel* dan *Curly Coated Retriever*.



Gambar2.4. Anjing *Curly Coated Retriever*

4. *Non-Sporting*

Beberapa anggota kelompok anjing *Non-Sporting* ini memiliki karakteristik *working* (contohnya pada anjing *Keeshond* dan *Schipperke*) sementara yang lain memiliki karakteristik kelompok *sporting* (seperti *Finlandia Spitz*, *Poodle* dan *Dalmatian*). Anggota lain dibiakkan secara khusus untuk hewan penjaga (*Chow chow*, *China Shar-Pei*, dan *Llasa Apso*) semetara yang lain dibiakkan untuk menjadi hewan pendamping atau hadiah (*Bichon Frise*, *Tibet Spaniel*, *Boston Terrier*, *Perancis Bulldog* dan *Tibet Terrier*).



Gambar 2.5. Anjing *Boston Terrier*

5. *Working*

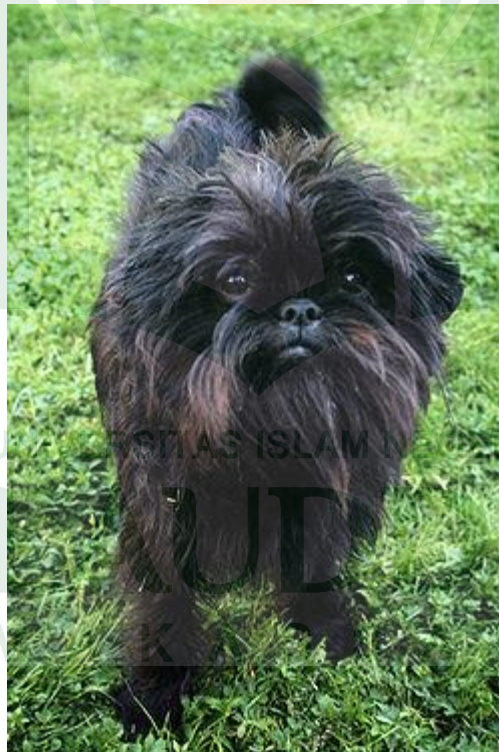
Beberapa anjing jenis *working* ini mencoba mendominasi pada pemiliknya jika pemiliknya tersebut tidak menunjukkan sifat yang kuat, adil dan kepemimpinan yang konsisten. Anjing pada kelompok ini sangat posesif terhadap benda seperti mainan mereka, pemiliknya atau bahkan daerah favorit mereka di rumah dan halaman. Untuk kelompok anjing ini antara lain *Akita*, *Alaskan Malamute*, *Anatolian Shepherd*, *Bernese Mountain Dog*, *Black Russian Terrier* dan *Boxer*.



Gambar 2.6. Anjing *Akita*

6. *Toy*

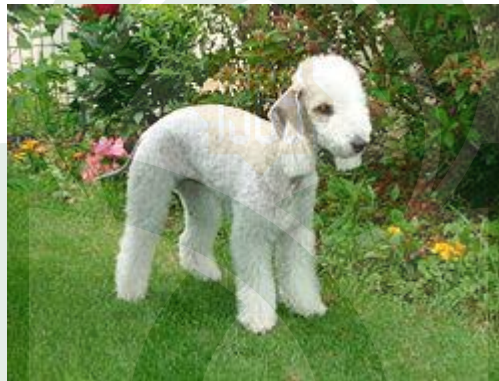
Pada awal pelatihan untuk anjing jenis *toy* ini akan lebih karena anjing ini memiliki ukuran tubuh yang kecil. Namun banyak dari anjing jenis ini tidak menyadari bahwa mereka bertubuh kecil sehingga berperilaku seolah-olah bertubuh besar. Hal tersebut menyebabkan anjing ini sering berani melawan dan bermain dengan anjing yang jauh lebih besar ukurannya. Anjing yang dikategorikan untuk jenis *toy* antara lain *Affenpinscher*, *Brussels Griffon*, *Cavalier King Charles Spaniel*, *Cihuahua*, *Chinese Crested* dan *English Toy Spaniel*.



Gambar 2.7. Anjing *Affenpinscher*

7. Terrier

Pada anjing kategori *terrier* ini mereka merupakan para pengontrol hama berupa hewan pengerat. Anjing jenis ini memiliki beberapa ciri fisik diantaranya memiliki telinga yang tegak, ukuran tubuh kecil dan memiliki kaki yang pendek, sehingga dapat mengejar mangsa yang berada di dalam liang. Kelompok anjing ini antara lain *Border Terrier*, *Australian Terrier*, *Bedlington Terrier* dan *Irish Terrier*.

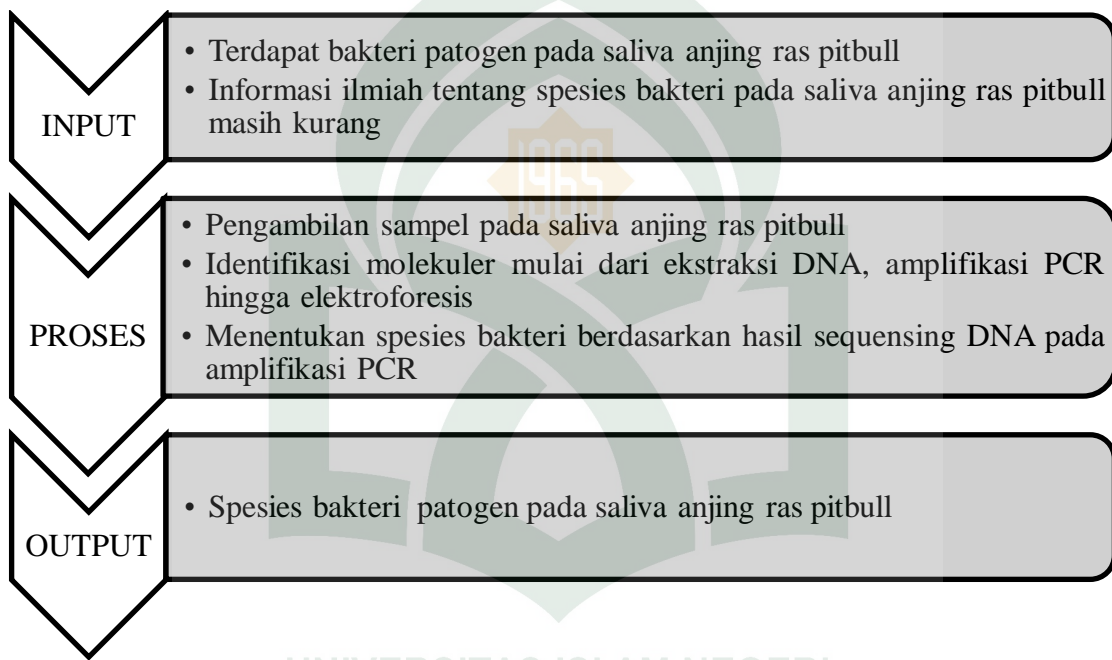


Gambar 2.8. Anjing *Bedlington Terrier*

Anjing pitbull juga dikategorikan sebagai anjing terrier yang merupakan sebutan umum yang digunakan untuk 4 ras anjing yaitu *American Pit Bull Terrier* (APBT), *American Staffordshire Terrier*, *Staffordshire Bull Terrier* dan *Bul Terrier*. Pitbull sendiri merupakan anjing hasil persilangan antara anjing jenis *terrier* dengan anjing *English bull dog*. Anjing ini terkenal memiliki keganasan dan serangan yang mematikan. Anjing pitbull sebenarnya diciptakan sebagai anjing petarung untuk bertarung melawan anjing lain, benteng, beruang bahkan tikus. Sedangkan di Indonesia anjing ini biasanya diadu dengan babi hutan. Anjing ini memiliki rahang yang kuat sehingga ketika anjing ini menggigit akan sulit untuk melepas gigitannya,

namun apabila anjing ini dilatih dengan baik dapat menjadi anjing pekerja yang baik. Anjing pitbull sebagai lambang keberanian, bahkan Amerika menggunakan pitbull pada poster untuk merekrut prajurit selama perang dunia pertama.

F. Kerangka Pikir



BAB III

METODOLOGI PENELITIAN

A. Jenis Pendekatan Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian kualitatif dengan pendekatan eksploratif untuk menentukan bakteri pada saliva anjing peliharaan (*Canis lupus familiaris*) dengan ras pitbull. Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Mikrobiologi Rumah Sakit Pendidikan Universitas Hasanuddin Makassar.

B. Variabel Penelitian

Penelitian ini memiliki variabel tunggal yaitu bakteri yang terdapat pada saliva anjing (*Canis lupus familiaris*) ras pitbull.

C. Defenisi Operasional Variabel

Adapun definisi operasional variabel pada penelitian ini adalah bakteri patogen pada saliva anjing ras pitbull yang teridentifikasi melalui metode PCR.

D. Instrumen Penelitian

1. Alat

Alat-alat yang digunakan dalam penelitian ini antara lain mikropipet, freezer - 72°C, gunting, *Laminar air Flow*, vortex, centrifuge, water bath, bucket, pinset, waterbath, *Hot plate and stirrer*, satu set alat elektroforesis, ball point, UV

Transulaminator, *computer*, Rak, Labu Erlenmeyer, gelas ukur, tip, neraca analitik, spatula, stopwatch, freeze -20°C, gelas kimia, satu set alat elektroforesis, PCR Worksatation/cabinet (Scie-Plus)/Biosafety cabinet, Gene Amp PCR System 9700 (Applied Biosystem), Sub Gel GT Elektroforesisi system, Profuge GK-Centrifuge, Ice Maker (Memmert), Gel DocXR Model 785.

2. Bahan

Bahan-bahan yang digunakan dalam penelitian ini antara lain saliva anjing, Handscoon, masker, H₂O₂, tube, etanol 96%, gen 16S-rRNA, Presto™ Buccal Swab gDNA Extraction Kit (100 Preps), gSYNC™ DNA Extaction Kit (100 Preps), 200 µl PBS (*Phosphat buffer Seline*), Carrier RNA, S1 Buffer GSB (Gel solubilitation buffer), S2 Buffer GSB (Gel solubilitation buffer), Nucleid Acid, alkohol 5%, GD collumn 2 ml Collection tube, Proteinase K, Buffer W1, *Wash buffer* (Geneaid), elution buffer, buffer AL-mix, Enzym KAPA Ready Mix, MgCl₂, DNA Template, Nuclease Free Water, kertas label, tissu, medic cool, primer forward, primer reverse, tabung PCR (Sorensen, Cat. No 3922), Parafilm (Sigma, Cat. No. 7543), Erlenmeyer (Schoott), Filter tips 0.5-10µl (MBP, Cat. No 3922), Filter tips 10-Disposable gloves, VipPlus PCR Chiller, Tabung Eppendorf, Loading dye, agarose, Marker 100bp, TBE Buffer 10x.

E. Prosedur Kerja

1. Sterilisasi Alat

Alat-alat yang akan digunakan dicuci bersih lalu dibilas dengan air suling, kemudian alat-alat gelas disterilkan dengan menggunakan autoklaf pada suhu 121°C dengan tekanan 2 atm selama 2 jam. Alat-alat logam disterilkan dengan cara dipijarkan menggunakan lampu spiritus dengan tekanan 15 PSI suhu 121°C.

2. Preparasi Sampel

Sampel yang digunakan adalah saliva anjing yang diambil dari mulut anjing rumah Ras Golden Retriever dengan metode Swab (Eriana, 2017) dan tetes langsung.

3. Identifikasi Bakteri pada Saliva Anjing

Identifikasi bakteri pada saliva anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull dideterminasi dengan menggunakan sekuen 16S-rRNA. Analisis Cluster pada sekuens tersebut dilakukan dengan program BLAST (*Basic Local Alignment Tool*) dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Gen 16S-rRNA dianalisis secara lengkap di 1st Base Malaysia. Adapun langkah-langkah analisis gen 16S-rRNA dilakukan sebagai berikut:

a. Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA pada dasarnya merupakan serangkaian proses pemisahan DNA dari komponen-komponen sel lainnya. Pada ekstraksi DNA ini metode yang digunakan adalah metode ekstraksi DNA Kit (Geneaid DNA Purification Kit). Langkah-langkah ekstraksi DNA adalah sebagai berikut:

1. Pot Sampel (A)

a. Preparasi Sampel (*sample preparation*)

Sampel saliva anjing dimasukkan ke dalam tabung mikrocentrifuge (semua) kemudian tambahkan 200 μ l (*Phospat Buffer Saline*), centrifuge sampel mengambil pelet.

b. *Cell lysis* (Melisiskan sel)

Masukkan Carrier RNA ke tabung mikrocentrifuge sebanyak 0.6 μ l. Tambahkan 200 μ l Buffer S₂ ke dalam tabung mikrocentrifuge sebanyak 500 μ l, lalu vortex. Tambahkan proteinase K sebanyak 200 μ l lalu vortex. Inkubasi selama 10 menit. Tambahkan 200 μ l GSB buffer lalu vortex, inkubasi selama 10 menit.

c. *DNA Binding*

Tambahkan ethanol 200 μ l lalu vortex selama 10 detik. Memindahkan semua campuran tersebut ke dalam GD Column (Spin column), sentrifugasi pada 13.000 Rpm selama 1 menit. Buang collection tube yang berada di bawah spin column dan mengganti dengan collection tube yang baru.

d. *Wash* (Pencucian)

Tambahkan 400 μ l buffer W1 lalu sentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan yang sama kemudian buang cairan yang ada pada collection tube. Tambahkan 600 μ l wash buffer (Geneid) sentifuge selama 1 menit, lalu buang cairan pada collection tube dan sentrifuge kembali selama 3 menit. Buang

collection tube dan letakkan mikrocentrifuge steril pada bagian bawah spin column.

e. *Elution*

Selanjutnya tambahkan 100 µl Elution buffer kemudian sentrifuge dengan kecepatan yang sama selama 1 menit. Cairan yang mengandung DNA yang tertampung pada tabung mikrocentrifuge disimpan pada -4°C untuk digunakan sebagai template PCR.

2. Swab Steril (B)

a. Preparasi Sampel (*sample preparation*)

Swab dimasukkan ke dalam tabung mikrocentrifuge kemudian tambahkan 500 µl S1 Buffer, proteinase K 20 µl lalu vortex, inkubasi selama 10 menit.

b. *Cell lysis* (Melisiskan sel)

Memasukkan swab ke dalam collection tube dan sisa cairan sampel (volume tidak ditentukan). Centrifuge pada 13.000 Rpm selama 2 menit. Mengambil hasil saringan dan memindahkan ke collection tube baru dan buang swab. Tambahkan 500 µl S2 Buffer ke dalam tabung mikrocentrifuge sebanyak lalu vortex. Inkubasi selama 10 menit.

c. *DNA Binding*

Tambahkan ethanol 500 µl lalu vortex selama 10 detik. Memindahkan semua campuran tersebut ke dalam GD Column (Spin column) sebanyak 750 µl,

sentrifugasi pada 13.000 Rpm selama 1 menit. Buang collection tube yang berada di bawah spin column dan mengganti dengan collection tube yang baru.

d. *Wash* (Pencucian)

Tambahkan 600 µl wash buffer lalu sentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan yang sama kemudian buang cairan yang ada pada collection tube, pindahkan ke collection tube baru.

e. *Elution*

Selanjutnya tambahkan 100 µl Elution buffer kemudian sentrifuge dengan kecepatan yang sama selama 1 menit. Cairan yang mengandung DNA yang tertampung pada tabung mikrocentrifuge disimpan pada -4°C untuk digunakan sebagai template PCR.

b. Amplifikasi PCR (*Polimerase Chain Reaction*).

PCR merupakan suatu proses sintesis enzimatik untuk melipatgandakan suatu sekuens nukleotida tertentu secara in vitro (di dalam tabung). Prosesnya meliputi 3 tahap, yaitu denaturasi dengan suhu 95 °C selama 30 detik, annealing dengan suhu 55 °C selama 30 detik dan ekstention dengan suhu 72 °C selama 1 menit. 46 Prosedur ini dikerjakan pada sampel DNA yang telah diisolasi, ekstrak DNA dari sampel dan aquadest sebagai kontrol negatif. "PCR mix" dimasukkan ke dalam tabung PCR (Hiroaki, 2009).

Tabel 3.1. Komposisi Primer Mix

Reaksi	(μ l)
Enzym KAPA Ready Mix	25
MgCl	2
Forward primer	1
Reverse primer	1
DNA Template	5
Nuclease Free Water	16
Total premix	50

(Protokol pabrik Qiagen)

Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan mesin PCR (DNA thermal Cycler). Untuk amplifikasi PCR, tahap awal denaturasi pada suhu 95°C selama 15 menit, selanjutnya 94°C selama 1 menit, *annealing* pada suhu 55°C selama 30 detik, ekstensi 72°C selama 1 menit sebanyak 40 siklus dilanjutkan dengan ekstensi akhir suhu 72°C selama 1 menit sebanyak 40 siklus dilanjutkan dengan ekstensi akhir suhu 72°C selama 5 menit dan 12°C \pm 30 menit untuk penyimpanan.

c. Pembuatan Gen Agarose 2%

Agarosa dibuat dengan melarutkan 2 gr agarose (BioRad) dalam 100 mL 10 Tris borate EDTA (*Ethylene Diamine TetraAcid*) (100 g Tris base, 27.5 g asam borat, 20 ml 0.5 M EDTA pH 8.0 dalam 1 liter air). Kemudian dipanaskan sampai mendidih dan larut (bening). Selanjutnya ditambahkan 2 μ l ethidium bromida dan dimasukkan dalam pencetak gel yang telah dipasang sisir. Tunggu gel agarosa sampai memadat (sekitar 30 menit).

d. Elektroforesis

Gel agarose dimasukkan ke dalam tank elektroforesis yang berisi larutan TBE 0.5x. masukkan DNA sampel yang telah dicampur dengan cairan “loading dye” ke dalam sumur dengan perbandingan 2 : 1, kemudian masukkan Marker 100bp setelah keseluruhan sampel telah dimasukkan. Elektroda dihubungkan dengan power supply, kemudian dinyalakan selama 1 jam (60 menit). Setelah itu,, alat elektroforesis dimatikan kemudian gel dari alat tersebut diambil. Gel dipindahkan ke dalam UV transulaminator kemudian diamati hasilnya pada komputer.

e. Analisis Data Sekuensing

Analisis data sekuensing dilakukan dengan menggunakan program software DNA star. Untuk analisa *sequence alignment*, dilakukan dengan membandingkan sekuens yang diperoleh (*query*) dengan yang telah ada pada *Gene Bank* dengan *database searches* NCBI internet site (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Ukuran fragmen hasil amplifikasi PCR ditentukan dengan cara dibandingkan antara posisi ukuran penanda DNA (Marker) dengan ukuran fragmen sampel. Hasil positif ditunjukkan dengan adanya band pada ukuran 996 bps.

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Hasil Penelitian

1. Sampel tetes langsung saliva anjing ras Pitbull (NPA)

Pada sampel swab diberi kode NPA dan sampel diidentifikasi menggunakan metode PCR dengan primer 16S-rRNA selanjutnya disekuensing yang memperlihatkan urutan basa nukleotida dengan panjang kueri 390 sebagai berikut:

TGCCTTTGATACTGGCTAGCTTGAGTGTGTTTGAGGTAGGTGGAATTCCTAGTGT
AGCGGTGAAATGCATAGATATGAGGAGGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTACT
GGGATACAACTGACGCTCATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA
CCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGCTAACTCGTTG

Hasil sekuensing yang diperoleh selanjutnya dianalisis pada Gen Bank menggunakan analisis BLAST. Analisis BLAST dilakukan secara online pada website NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Hasil analisis BLAST dari sampel swab saliva anjing ras pitbull adalah sebagai berikut:

Tabel 4.1 hasil identifikasi molekuler anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull menggunakan BLAST dari NCBI

Kode Sampel	Jenis spesies	Strain	Kemiripan (%)	Query coverage (%)
NPA	<i>Bergeyella porcorum</i>	-	89	99
	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	-	88	99
	<i>Persicobacter diffluens</i>	-	89	98
	<i>Persicobacter psychroviidus</i>	-	88	98

	<i>Flexibacter elegans</i>	NBRC 15055	88	100
		IFO 15055	88	100
	<i>Limnobacter litoralis</i>	NBRC 105857	87	100
		KP1-19	87	100
	<i>Riemerella anatipestifer</i>	NCTC110 14	87	99
		ATCC 11845	87	99
	<i>Chryseobacterium gallinarum</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium bernardetii</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium carnipullorum</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium shigense</i>	GUM-Kaji	87	99
		DSM 17126	87	99
	<i>Chryseobacterium vietnamense</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium humi</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium aquifrigidens</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium jejuense</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium luteum</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium flavum</i>	-	87	99
	<i>Chryseobacterium gallinarum</i>	-	86	99
	<i>Porphyromonas pasteri</i>	-	87	97
	<i>Arcicella rigui</i>	-	87	97

2. Sampel swab saliva anjing ras Pitbull (NPB)

Pada sampel swab diberi kode NPB dan sampel diidentifikasi menggunakan metode PCR dengan primer 16S-rRNA selanjutnya disekuensing yang memperlihatkan urutan basa nukleotida dengan panjang kueri 390 sebagai berikut:

GTAGCGGTGAAATGCATAGATATTACGAGGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTA
CTGGGTTACAACCTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGCTAACTCGATGTTGGGGTATTATA

Hasil sekuensing yang diperoleh selanjutnya dianalisis pada Gen Bank menggunakan analisis BLAST. Analisis BLAST dilakukan secara online pada website NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Hasil analisis BLAST dari sampel swab saliva anjing ras pitbull adalah sebagai berikut:

Tabel 4.2 hasil identifikasi molekuler anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull menggunakan BLAST dari NCBI

Kode Sampel	Jenis spesies	Strain	Kemiripan (%)	Query coverage (%)
NPB	<i>Bergeyella zoohelcum</i>	-	93	100
	<i>Riemerella anatipestifer</i>	-	90	98
	<i>Daejeonia ginsenosidivorans</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium sediminis</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium frigidum</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium shandongense</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium trucae</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium oleae</i>	-	91	96

	<i>Chryseobacterium contaminans</i>	-	91	96
	<i>Chryseobacterium artocarpi</i>	-	90	96
	<i>Chryseobacterium gwangjuense</i>	-	90	96

B. Pembahasan

Identifikasi bakteri menggunakan metode molekuler dengan teknik PCR (*Polymerase chain reaction*) karena prosesnya lebih cepat, efisien dan hasil yang lebih akurat untuk menentukan spesies pada suatu mikroorganisme seperti bakteri. Dalam proses identifikasi molekuler mikroorganisme, ada 3 proses utama yang paling dasar yaitu ekstraksi DNA, amplifikasi PCR, dan elektroforesis serta tahap sekuensing.

Pada tahap ekstraksi terjadi pemisahan benang-benang DNA dengan komponen sel yang lain. Didalam prosedur manual ini ada beberapa proses penting dalam ekstraksi yaitu preparasi sampel (*sample preparation*), lisis sel (*cell lysis*), pengikatan DNA (*DNA binding*), pencucian (*wash*) dan elusi (*elution*). Ekstraksi DNA diperoleh dengan cara melisiskan atau memecahkan dinding sel sehingga DNA akan keluar dari dalam sel. Kemudian tahap *DNA binding* berfungsi mengikat DNA target yang dilanjutkan dengan *whasing* yang akan mencuci/membersihkan DNA dari komponen organel sel lainnya yang tidak dibutuhkan dan tahap akhir adalah elusi (*elution*). Semua proses ekstraksi DNA tersebut dilakukan dengan memacu pada pedoman/instruksimanual oleh protokol geneaid dengan menggunakan Presto™

Buccal Swab gDNA Extraction Kit (100 Preps) untuk sampel swab dan gSYNC™ DNA Extaction Kit (100 Preps) untuk sampel tetes langsung.

Marker DNA yang terdapat dalam gel elektroforesis berfungsi untuk mengetahui ukuran DNA hasil amplifikasi sebagai penanda posisi molekul DNA yang bermigrasi untuk menentukan perkiraan ukuran basa-basanya. *Loading dye* berfungsi sebagai pemberat agar tidak keluar dari sumuran. *Etidium bromida* sebagai pewarna DNA. *2x KAPA2G FastReady Mix PCR Kit* merupakan master mix PCR komersial yang didalamnya terkandung *Taq* DNA Polymerase, PCR buffer, $MgCl_2$, dNTP, dan ddH₂O. Mastermix PCR komersial ini berfungsi sebagai komponen atau campuran DNA template yang akan diamplifikasi menggunakan mesin PCR. Primer Forward berfungsi untuk menginisiasi sintesis untai DNA dari ujung 5' ----- 3' sedangkan Primer Reverse berfungsi untuk Menginisiasi sintesis untai DNA dari ujung 3' ----- 5'. Hasil isolasi genomik DNA kemudian diamplifikasi dengan PCR sebanyak 35 siklus. Untuk mengetahui ukuran produk hasil amplifikasi maka dilakukan elektroforesis selama 1 jam (60 menit) dengan 100 volt pada gel agarosa (Aditia, 2016:84).

Dari hasil elektroforesis kedua sampel diketahui terdapat pita yang terseparasi dan sejajar dengan marker sekitar 100bp. Hal ini mengindikasikan bahwa fragmen gen yang teramplifikasi dengan ukuran band ± 996 bps, yang menunjukkan sehingga dapat disimpulkan bahwa proses amplifikasi sampel berhasil dilakukan. Target yang telah dicapai ini cukup untuk melakukan identifikasi spesies bakteri tersebut. Selanjutnya, hasil dikirim ke PT. Genetika Science Indonesia yang kemudian akan

dikirim ke 1st BASE sequencing INT di Malaysia untuk pemetaan pasang basa yang berhasil diamplifikasi. Hasil yang diperoleh dari Malaysia selanjutnya dianalisis pada Gen Bank menggunakan analisis BLAST. Analisis BLAST dilakukan dengan tujuan untuk membandingkan hasil yang diperoleh dengan hasil sekuen DNA dari seluruh dunia yang didepositkan pada database Gen Bank. Analisis hasil BLAST tersebut memberikan informasi mengenai bakteri apa yang mempunyai kesamaan dengan urutan DNA sampel sehingga dapat digunakan untuk identifikasi bakteri. Analisis BLAST dilakukan secara online pada website *National Center for Biotechnology Information* (NCBI, 2016): (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Ciri-ciri sequens dari gene bank yang paling mirip dengan sequens DNA yang diperoleh yaitu, nilai *Max Score* dan *Total Score* sama, *Query Coverage* mendekati 100%, *E-value* mendekati 0, dan *Identities* mendekati 100%. Dari kelima parameter tersebut, nilai *Query Coverage* yang paling penting karena menunjukkan persentase database yang tertutupi oleh *Query*. Apabila nilai *E-Value* semakin mendekati nol, hasilnya akan lebih terpercaya dan bila nilainya 1, maka tidak boleh digunakan (Narita, 2012 dalam skripsi Aditia, 2016:86).

Identifikasi bakteri yang dilakukan dengan 16 rRNA berdasarkan pada perbandingan basa yang konservatif. Urutan basa yang memiliki persamaan yang tinggi maka strain tersebut dapat dimasukkan dalam satu spesies yang sama. Indikator dari hasil analisis BLAST pada gen 16 rRNA yang memiliki homologi kurang dari 98% menunjukkan bahwa spesies bakteri yang dibandingkan adalah spesies yang berbeda, pada homologi antara 93-95% menunjukkan bahwa bakteri tersebut berada

pada genus yang berbeda dan pada homologi antara 89-93% menunjukkan bahwa bakteri tersebut berada pada famili yang berbeda. Kumpulan data spesies tersebut memuat data klasifikasi, diagnose yang dilakukan merupakan analisis berdasarkan persamaan urutan basa menggunakan jarak matrik, metode yang biasa digunakan yaitu *Multiple Sequence Alignment* (MSA) yang merupakan sebuah metode yang akan mengelompokkan suatu strain berdasarkan derajat kesamaan urutan basa antar spesies (Wulandari, 2011).

Pada sampel NPA ditemukan beberapa spesies bakteri yang berbeda diantaranya *Bergeyella porcorum*, *Bergeyella zoohelcum*, *Persicobacter diffluens*, *Persicobacter psychrovividus*, *Flexibacter elegans*, *Limnobacter litoralis*, *Riemerella anatipestifer*, *Chryseobacterium gallinarum*, *Chryseobacterium bernardetii*, *Chryseobacterium carnipullorum*, *Chryseobacterium shigense*, *Chryseobacterium vietnamense*, *Chryseobacterium humi*, *Chryseobacterium aquifrigidens*, *Chryseobacterium jejuense*, *Chryseobacterium luteum*, *Chryseobacterium flavum*, *Porphyromonas pasteri* dan *Arcicella rigui*.

Sedangkan pada sampel NPB ditemukan beberapa spesies bakteri yang berbeda dari sampel NPA, yaitu diantaranya *Daejeonia ginsenosidivorans*, *Chryseobacterium sediminis*, *Chryseobacterium frigidum*, *Chryseobacterium shandongense*, *Chryseobacterium trucae*, *Chryseobacterium viscerum*, *Chryseobacterium oleae*, *Chryseobacterium contaminans*, *Chryseobacterium artocarp* dan *Chryseobacterium gwangjuense*.

Berdasarkan rujukan Wulandari (2011), sehingga pada hasil pengamatan di atas menunjukkan bahwa pada kedua sampel menunjukkan spesies yang berbeda karena memiliki nilai di bawah 98% yaitu nilai *query cover* 97% dan 96%. Pada bakteri *Flexibacter elegans* strain IFO 15055 dan *Flexibacter elegans* strain NBRC 15055 memiliki nilai *query cover* 94% yang menunjukkan bahwa bakteri tersebut memiliki tingkat kemiripan pada genus *Flexibacter*.

1. *Bergeyella porcorum*

Bergeyella porcorum merupakan spesies terbaru yang dimasukkan ke dalam genus *Bergeyella* berdasarkan morfologi seluler dan criteria biokimia. Tingkat kemiripan bakteri ini menyerupai *Bergeyella zoohelcum* namun masih terdapat perbedaan pada fenotip dan filogeniknya. *Bergeyella porcorum* merupakan bakteri gram negatif, katalase dan iksidasi positif dan berbentuk basil yang biasa ditemukan pada paru-paru dan tonsil babi (Zamora et. al., 2016:160).

Adapun klasifikasi dari *Bergeyella porcorum* yaitu:

Kingdom	: Bacteria
Phylum	: Bacteroidetes
Class	: Flavobacteria
Order	: Flavobacteriales
Family	: Flavobacteriaceae
Genus	: <i>Bergeyella</i>
Species	: <i>Bergeyella porcorum</i> (Bergey, 1994).

2. *Bergeyella zoohelcum*

Bergeyella zoohelcum adalah patogen zoonosis yang jarang terjadi yang biasanya terkait dengan gigitan kucing atau anjing. Sebelumnya, hanya lima kasus infeksi *B. zoohelcum* yang telah dilaporkan (Jumi, et. al., 2016:215).

Bergeyella zoohelcum adalah bakteri gram negatif, berbentuk batang, aerobik dan non motil dari genus *Bergeyella* yang terjadi pada saluran pernapasan bagian atas anjing dan kucing. *Bergeyella zoohelcum* dapat menyebabkan penyakit pernapasan pada kucing. *Bergeyella zoohelcum* dapat menyebabkan infeksi setelah gigitan anjing. Infeksi dengan *Bergeyella zoohelcum* dilaporkan terjadi pada kasus selulitis setelah gigitan kucing. *Bergeyella zoohelcum* juga dilaporkan menghasilkan tenosinovitis yang terkait dengan *Pasteurella multocida* dan bakteri gram-negatif lainnya setelah gigitan dari harimau Siberia. Patogenitas dan potensi transmisi mereka ke manusia belum diketahui (Fredrick, 2011).

Adapun klasifikasi dari *Bergeyella zoohelcum* yaitu:

Kingdom	: Bacteria
Phylum	: Bacteroidetes
Class	: Flavobacteria
Order	: Flavobacteriales
Family	: Flavobacteriaceae
Genus	: <i>Bergeyella</i>
Species	: <i>Bergeyella zoohelcum</i> (Bergey, 1994).

3. *Arcicella rigui*

Bakteri *Arcicella rigui* adalah bakteri dari genus *Arcicella* yang memiliki bentuk spiral yang dikelilingi kapsul tebal, vibrioid, tergolong bakteri gram negatif, sangat aerobik, selnya bersifat polimorfik dan non motil (Chen et.al, 2013).

Adapun klasifikasi dari *Arcicella rigui* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Cytophagaceae
 Genus : *Arcicella*
 Species : *Arcicella rigui* (Bergey, 1994).

4. *Chryseobacterium* sp.

Genus *Chryseobacterium* merupakan bakteri gram negatif non motil, berflagel dan merupakan aerobik obligat. Dari hasil analisis sekuensing spesies bakteri yang termasuk dalam genus *Chryseobacterium* yaitu *Chryseobacterium gallinarum*, *Chryseobacterium bernardetii*, *Chryseobacterium carnipullorum*, *Chryseobacterium shigense*, *Chryseobacterium vietnamense*, *Chryseobacterium humi*, *Chryseobacterium aquifrigidens*, *Chryseobacterium jejuense*, *Chryseobacterium luteum*, *Chryseobacterium flavum*, *Chryseobacterium sediminis*, *Chryseobacterium frigidum*, *Chryseobacterium shandongense*, *Chryseobacterium trucae*,

Chryseobacterium viscerum, *Chryseobacterium oleae*, *Chryseobacterium contaminans*, *Chryseobacterium artocarpi* dan *Chryseobacterium gwangjuense*.

Chryseobacterium gallinarum adalah bakteri Gram-negatif dan berbentuk batang dari genus *Chryseobacterium* yang telah diisolasi dari kerokan faring ayam di Saxony-Anhalt di Jerman (Kampfer, 2014). Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium gallinarum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : *Chryseobacterium*
 Species : *Chryseobacterium gallinarum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium bernardetii* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : *Chryseobacterium*
 Species : *Chryseobacterium bernardetii* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium carnipullorum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium carnipullorum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium shigense* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium shigense* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium vietnamense* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium

Species : *Chryseobacterium vietnamense* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium humi* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae

Genus : *Chryseobacterium*

Species : *Chryseobacterium humi* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium aquifrigidens* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae

Genus : *Chryseobacterium*

Species : *Chryseobacterium aquifrigidens* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium jejuense* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae
Genus : Chryseobacterium
Species : *Chryseobacterium jejuense* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium luteum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
Phylum : Proteobacteria
Class : Flavobacteria
Order : Flavobacteriales
Family : Flavobacteriaceae
Genus : Chryseobacterium
Species : *Chryseobacterium luteum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium flavum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
Phylum : Proteobacteria
Class : Flavobacteria
Order : Flavobacteriales
Family : Flavobacteriaceae
Genus : Chryseobacterium
Species : *Chryseobacterium flavum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium flavum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium flavum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium sediminis* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium sediminis* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium frigidum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium frigidum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium shandongense* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium shandongense* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium truae* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium truae* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium viscerum* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium

Species : *Chryseobacterium viscerum* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium oleae* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae

Genus : *Chryseobacterium*

Species : *Chryseobacterium oleae* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium contaminans* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae

Genus : *Chryseobacterium*

Species : *Chryseobacterium contaminans* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium artocarpi* yaitu:

Kingdom : Bacteria

Phylum : Proteobacteria

Class : Flavobacteria

Order : Flavobacteriales

Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium artocarpi* (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Chryseobacterium gwangjuense* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Proteobacteria
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Chryseobacterium
 Species : *Chryseobacterium gwangjuense* (Bergey, 1994).

5. *Porphyromonas pasteri*

Porphyromonas sp. adalah bakteri sebagai agen penyebab penyakit periodontitis. Periodontitis adalah penyakit yang disebabkan oleh bakteri yang bersimbiosis dengan plak gigi sehingga mengakibatkan hancurnya jaringan pendukung gigi dan dapat menyebabkan kehilangan gigi (Lilo et.al, 2004). Sedangkan bakteri *Porphyromonas pasteri* adalah bakteri yang bersifat anaerob, tidak berpigmen, non motil, non spora, gram negatif dan berbentuk basil yang biasa ditemukan pada saliva manusia (Sakamoto et.al, 2015).

Adapun klasifikasi dari *Porphyromonas pasteri* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes

Class : Bacteroidetes
 Order : Bacteroidales
 Family : Porphyromonadaceae
 Genus : Porphyromonas
 Species : *Porphyromonas pasteri* (Bergey, 1994).

6. *Riemerella anatipestifer*

Riemerella anatipestifer atau biasa disingkat dengan RA adalah bakteri basil, non motil, gram negatif dan tidak membentuk spora yang menyebabkan septikimia dan kematian pada unggas seperti bebek dan angsa muda di seluruh dunia. RA memiliki sejarah klasifikasi yang kompleks sebebun adanya reklasifikasi terbaru ke dalam genus *Riemerella*, yang sebelumnya bakteri ini masuk dalam genus *Pfeifferella*, *Pasteurella* atau *Moraxella*. RA telah dikonfirmasi menginfeksi unggas yaitu bebek domestik (*Anas platyrhynchos*) yang terinfeksi RA secara patologis menunjukkan gerakan bebek yang kurang, ataksia, perikarditis fibrinous, heterophilic, airsacculitis, perihepatitis, ventriculitis dan meningitis sedangkan secara klinis menyebabkan bersin, batuk, gemetar pada kepala dan leher (Chikuba et.al, 2016). *Riemerella columbipharyngis* adalah patogen pada unggas yaitu sebagai agen penyebab penyakit eksudatif dan septikaemik pada unggas domestic maupun unggas liar, unggas air dan juga pada burung *Gallinaceous*. Pada hasil analisis menunjukkan dua strain yang berbeda pada *Riemerella anatipestifer* yaitu pada *Riemerella anatipestifer* strain DSM 15868= ATCC 11845 dan *Riemerella anatipestifer* strain NCTC11014.

Adapun klasifikasi dari *Riemerella anatipestifer* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Riemerella
 Species : *Riemerella anatipestifer* (Bergey, 1994).

7. *Daejeonia ginsenosidivorans*

Daejeonia ginsenosidivorans merupakan bakteri gram negatif, aerobik, oksidasi dan katalase positif yang diidentifikasi dari hasil isolasi pada air danau. Bentuk sel bakteri ini berupa basil, dengan lebar 0,2-0,5 μm dan panjang 1,2-3,0 μm (Siddiqi et.al, 2017).

Adapun klasifikasi dari *Daejeonia ginsenosidivorans* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes
 Class : Flavobacteria
 Order : Flavobacteriales
 Family : Flavobacteriaceae
 Genus : Daejeonia
 Species : *Daejeonia ginsenosidivorans* (Bergey, 1994).

8. *Limnobacter litoralis*

Limnobacter litoralis adalah bakteri gram-negatif, oksidase dan katalase-positif, pembentuk nonspora, oksidasi tiosulfat, bakteri anaerobik dari genus *Limnobacter* dan famili Burkholderiaceae, yang diisolasi dari endapan vulkanik berumur 22 tahun di pulau Miyake di Jepang (Lu et.al, 2011).

Adapun klasifikasi dari *Limnobacter litoralis* yaitu:

Kingdom	: Bacteria
Phylum	: Probacteria
Class	: Betaprobacteria
Order	: Burkholderiales
Family	: Burkholderiaceae
Genus	: <i>Limnobacter</i>
Species	: <i>Limnobacter litoralis</i> (Bergey, 1994).

9. *Persicobacter* sp.

Persicobacter adalah genus Gram-negatif, fakultatif anaerobik, chemoorganotrophic dan motil. Analisis filogenetik berdasarkan sekuens gen 16S rRNA menunjukkan bahwa strain berkerumun dengan genus *Persicobacter* di keluarga Flammeovirgaceae. Atas dasar hasil ini, spesies baru *Persicobacter psychrovividus* sp. November (tipe strain Asr22-19T = NBRC 101262T = CIP 109100T) diusulkan dan deskripsi yang ditulis diberikan untuk genus *Persicobacter* dan untuk *Persicobacter diffluens* (Muramatsu et.al, 2010).

Adapun klasifikasi dari *Persicobacter diffluens* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes
 Class : Sphingobacteria
 Order : Sphingobacteriales
 Family : Flammeovirgaceae
 Genus : Persicobacter
 Species : *Persicobacter diffluens* (Bergey, 1994).

10. *Flexibacter elegans*

Flexibacter elegans memiliki filamen yang sangat panjang dan halus dengan ujung bulat, lebar 0,4-0,5 μm dan panjang 50 μm , biasa lebih panjang, dan tidak lebih pendek dari 10-20 μm . Pada substrat padat filamen cenderung membentuk loop dan koil. Bakteri ini merupakan aerobik, oksidase positif, katalase negatif, pepton dan asam casamino berfungsi sebagai sumber nitrogen tunggal. kondisi optimum untuk pertumbuhan adalah sekitar pH 7 dan 30° C. Suhu pertumbuhan tertinggi adalah 10 ° C-15 ° C. Tipe strain pada *Flexibacter elegans* yaitu NZ-1, ATCC 23112, CIP 104801, DSM 3317, JCM 21159, LMG 10750, NBRC 15055. Urutan no. aksesori (Gen 16rRNA): AB0704 (Bergey, 1994).

Adapun klasifikasi dari *Flexibacter elegans* yaitu:

Kingdom : Bacteria
 Phylum : Bacteroidetes
 Class : Cytophagia

Order : Cytophagales
Family : Cytophagaceae
Genus : Flexibacter
Species : *Flexibacter elegans* (Bergey, 1994).



BAB V

PENUTUP

A. Kesimpulan

Adapun kesimpulan pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Identifikasi molekuler dengan teknik PCR mendapatkan spesies bakteri dari genus yang berbeda, pada sampel NPA ditemukan spesies bakteri *Bergeyella porcorum*, *Bergeyella zoohelcum*, *Persicobacter diffluens*, *Persicobacter psychrovividus*, *Flexibacter elegans*, *Limnobacter litoralis*, *Riemerella anatipestifer*, *Chryseobacterium gallinarum*, *Chryseobacterium bernardetii*, *Chryseobacterium carnipullorum*, *Chryseobacterium shigense*, *Chryseobacterium vietnamense*, *Chryseobacterium humi*, *Chryseobacterium aquifrigidens*, *Chryseobacterium jejuense*, *Chryseobacterium luteum*, *Chryseobacterium flavum*, *Porphyromonas pasteri* dan *Arcicella rigui*. Sedangkan genus bakteri yang ditemukan pada sampel NPB yaitu *Bergeyella zoohelcum*, *Riemerella anatipestifer*, *Daejeonia ginsenosidivorans*, *Chryseobacterium sediminis*, *Chryseobacterium frigidum*, *Chryseobacterium shandongense*, *Chryseobacterium truceae*, *Chryseobacterium viscerum*, *Chryseobacterium oleae*, *Chryseobacterium contaminans*, *Chryseobacterium artocarpi* dan *Chryseobacterium gwangjuense*.
2. Bakteri yang ditemukan pada saliva anjing pitbull umumnya adalah bakteri gram negatif, berbentuk basil, aerobik dan non motil.

B. *Implikasi Penelitian (Saran)*

Adapun saran pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Melakukan isolasi bakteri pada sampel saliva air liur anjing pitbull.
2. Menambah sampel dengan menggunakan dua individu yang berbeda pada anjing ras pitbull.
3. Melakukan pengujian aktivitas antibakteri pada bakteri patogen saliva anjing ras pitbull.



KEPUSTAKAAN

- Abdullah. *Tafsir Ibnu Katsir Jilid 5*. Bogor: Pustaka Imam asy-Syafi'i, 2003.
- Aditia, L. "Isolasi dan Identifikasi Molekuler Bakteri Penghasil Enzim Kitinase dari Limbah Pengolahan Udang". *Skripsi*. Makassar: Fakultas Sains Dan Teknologi Uin Alauddin Makassar, 2016.
- Andrea, I.S., Sanz, J.L., Stams, A.J.M. "*Microbacter margulisiae* gen. nov., sp. nov., a propionigenic bacterium isolated from sediments of an acid rock drainage pond". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 64 (2014): p. 3936-3942.
- Badan Litbang dan Diklat Kementerian Agama RI. *Hewan dalam Perspektif Al-Qur'an dan Sains (Tafsir Ilmi)*. Jakarta: Lajnah Pentashihan Mushaf AL-Qur'an, 2012.
- Berg MJ, Tymoczko JL, and Stryer L. *Biochemistry*. Sixth Edition. San Fransisco: WH Freeman, 2007.
- Berg MJ, Tymoczko JL, and Stryer L. *Biochemistry*. Sixth Edition. San Fransisco: WH Freeman, 2007.
- Biswal D. "Advances in Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) Technology and its Necessity to Detect Helminth Infections: An Overview". *Biomarkers J2* no. 2 (2016): 1-6.
- Campbell NA, Reece JB, and Mitchell LG. *Biologi*. Edisi ke-8. Penerjemah; Damaring TW. Editor; Wibi H. Jakarta: Erlangga, 2008. Terjemahan dari: *Biology 8th Edition*.
- Chen, W.M., Yang, S.H., Young, Sheu, S.Y. "*Arcicella rigui* sp. nov., isolated from water of a wetland, and emended descriptions of the genus *Arcicella*, *Arcicella aquatica*, *Arcicella rosea* and *Arcicella aurantiaca*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63 (2013): p. 134-140.
- Chikuba, T., Uehara, H., Fumikura, S., Takahashi, K., Suzuki, Y., Hoshinoo, K., Yamamoto, Y. "*Riemerella anatipestifer* Infection in Domestic Ducks in Japan, 2014". *Journal Veterinary Medical Science*. 78 no. 10 (2016): p. 1635-1638.

- Depamede, S.N., Rosyidi, A., Sriasih., Dahlanuddin., Yulianti, N., Suparman. "Potensi Air Liur sebagai Perantara dalam Pemeriksaan *Noninvasive* pada Hewan Piaraan". *Jurnal Veteriner* 15 no. 4 (Desember 2014): h. 564-569.
- Dua J, Gupta A, Pachauri K, Dewangan, S. "Pharmacogenomics- a boon for chronic diseases". *Int J Pharma Bio Sci.* 2 no. 2 (2011): p. 423–30.
- Eriatna, A.W. "Aktivitas Antibakteri Sabun Tanah Bentonit dan Kaolin terhadap Bakteri Air Liur Anjing". *Skripsi*. Jakarta: Fakultas Kedokteran dan Ilmu Kesehatan, 2017.
- Fatchiyah, E.L. Arumningtyas, S. Widyarti, S.Rahayu. 2011. *Biologi Molekuler Prinsip Dasar Analisis*. Erlangga. Jakarta. Hal. 48-57
- Fredrick, M.A., Ellie, J.C.G. "Microbiology of Animal Bite Wound Infections". *Clinical Microbiology Reviews* 24 no. 2 (1 April 2011): p.231-246. <http://cmr.asm.org/content/24/2/231.full> (Maret 2018).
- Hakim, Jeffry. "Tanah Dan Sabun Tanah Sebagai Bahan Antimikroba Terhadap Air Liur Anjing". *Skripsi*. Bogor : Institut Pertanian Bogor, 2008
- Hoff M. DNA amplification and detection made simple (relatively). *PLoS Biol.* 2006;4(7):e222.
- Jawetz, E., *Mikrobiologi Kedokteran Edisi 20*, diterjemahkan oleh : Nugroho & R.F, Maulany, Jakarta, 2005.
- Joshi M, Deshpande JD. Polymerase Chain Reaction : Methods , Pr. *Int J Biomed Res* [Internet]. 2010;1(5):81–97. Available from: www.ssjournals.com
- Jumi Yi, M.D., Humphries, R., Doerr, L., Jerri, R.C., and Westblade, L.F. "*Bergeyella zoohelcum* Associated With Abscess And Cellulitis after A Dog Bite". *The Pediatric Infectious Disease Journal* 35 no. 2 (February 2016): p. 214-216.
- Kampfer, P; Poppel, MT; Wilharm, G; Busse, HJ; McInroy, JA; Glaeser, SP "*Chryseobacterium gallinarum* sp. nov., isolated from a chicken, and *Chryseobacterium contaminans* sp. nov., isolated as a contaminant from a rhizosphere sample". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology.* 64 no.4 (April 2014): p.1419–27.
- Lay BW. *Analisa Mikroba di Laboratorium*. Edisi 1. Cetakan 1. Jakarta: PT Raja Grafindo Persada, 1994.
- Lilo, A.d., Booth ,V., Kyriacou, L., Weightman, A.J. "Culture Independent Identification of Periodontitis-Associated *Porphyromonas* and *Tannerella*

- Populations by Targeted Molecular Analysis". *Journal of Clinical Microbiology* 42 no. 12 (2004): p. 5523-5527.
- Lu, H; Sato, Y; Fujimura, R; Nishizawa, T; Kamijo, T; Ohta, H. "*Limnobacter litoralis* sp. nov., a thiosulfate-oxidizing, heterotrophic bacterium isolated from a volcanic deposit, and emended description of the genus *Limnobacter*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 61 no. 2 (Feb 2011): p. 404–7.
- Maheshwari S, Verma SK, Tariq M, Kc P, KumarS. Emerging trends in oral health profession : Themolecular dentistry. 2010;2(4):56–63.
- Malik R, Misra D, Srivastava PC, Misra A.Review Research Paper Application of Geneticsand Molecular Biology In Forensic OdontologyIntroduction : Corresponding Author : MolecularBiology Studies : Teeth as Genetic Material Source:Human Identification Using DNA : 2012;34(1):55–7.
- Muhammad Abullah. *Tafsir Ibnu Katsir (Jilid 2 Vol 3)*. Jakarta: Pustaka imam Syafi'i. 2010.
- Muhammad Abullah. *Tafsir Ibnu Katsir (Jilid 4 Vol 5)*. Jakarta: Pustaka imam Syafi'i. 2010.
- Muramatsu, Y.; Takahashi, M.; Kaneyasu, M.; Iino, T.; Suzuki, K.-i.; Nakagawa, Y. "*Persicobacter psychrovividus* sp. nov., isolated from shellfish, and emended descriptions of the genus *Persicobacter* and *Persicobacter diffluens*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 60 no. 8 (4 September 2009): p. 1735–1739.
- Narita V, Arum AL, Siti IM, dan Fawzya NY. "Analisis Bioinformatika Berbasis WEB untuk Eksplorasi Enzim Kitosanase Berdasarkan Kemiripan Sekuens".*Jurnal Al-Azhar Indonesia Seri Sains Dan Teknologi*. 1 no. 4 (September 2012): 197-203.
- Rodríguez-Antona C, Taron M. Pharmacogenomic biomarkers for personalized cancer treatment. *JIntern Med*. 2015;277(2):201–17.
- Rubbenstrith, D., Ryll, M., Hotzel, H., Christensen, H., Knobloch, J.K.M., Rautenschlein,S., Bisgaard, M. "Description of *Riemerella columbipharyngis* sp. nov., Isolated from the Pharynx of Healthy Domestic Pigeons (*Columba livia* f. domestica), and Emended Descriptions of the Genus *Riemerella*, *Riemerella anatipestifer* and *Riemerella columbina*". *Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63 (2013): p. 280-287.

- Sakamoto, M., Li, D., Shibata, Y., Takeshita, T., Yamashita, Y., Ohkuma, M.
 “*Porphyromonas pasteri* sp. nov., Isolated from Human Saliva”. *Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 65 (2015): p. 2511-2515.
- Sari IP. “Analisis Keragaman Genetik Bakteri Endofitik dan Filosfer Padi dengan Teknik ARDRA (*Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis*)”. *Skripsi*. Bogor: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam IPB, 2006.
- Shihab, Q.M. *Tafsir Al-Misbah: Pesan, Kesan dan Keserasian Al-Qur'an*. Jakarta: Lentera Hati, 2003.
- Siddiqi, M.Z., Choi, G.M., Kim, M.S. “*Daejeonia ginsenosidivorans* gen. nov., sp. nov., a ginsenoside-transforming bacterium isolated from lake water”. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 67 no. 8(2017): p. 2665-2671.
- Watson, J.D., T.A. Baker, S.P. Bell, A. Gann, M. Levine, & R. Losick. 2004. *Molecular Biology of The Gene*. 5th edition. Benjamin Cumming. P. 681-683.
- Wulandari, Rita. Analisis Gen 16 rRNA pada Bakteri Penghasil Enzim Fitase. Tidak diterbitkan: *Tesis*. Surakarta: Universitas Sebelas Maret, 2015.
- Yasin, M. *Zoologi Vertebrata*. Jakarta: Erlangga, 1992.
- Yoon, J., Adachi, K., Park, S., Kasai, Y., Yokota, A. “*Aureibacter tunicatorum* gen. nov., sp. nov., a marine bacterium isolated from a coral reef sea squirt, and description of Flammeovirgaceae fam. nov”. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 61 (2013): p. 2342-2347.
- Yuwono, T. *Biologi Molekular*. Jakarta: Erlangga, 2005.
- Yuwono, T. *Biologi Molekular*. Jakarta: Erlangga, 2008.
- Zamora, L., Domingues, L., Fernandes-Garayzabal, J.F., Vela, A.I., “*Bergeyella porcorum* sp. nov., isolated from pigs”. *Systematic and Applied Microbiology*. 39 no. 3 (May 2016): p. 160–163.

LAMPIRAN

Skema Kerja

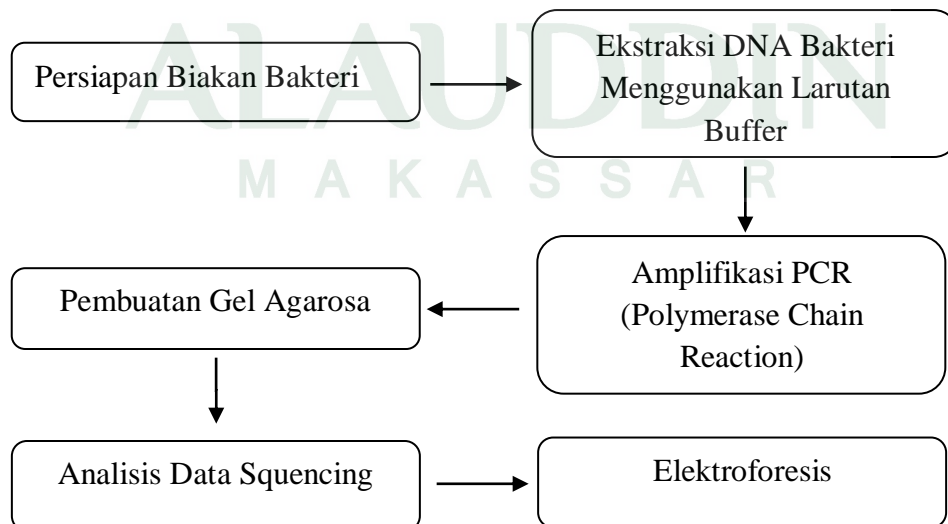
1. Sampel Bakteri Air Liur Anjing (*Canis lupus familiaris*) ras Pitbull



Pitbull

- Air liur anjing (*C. lupus familiaris*) diambil dari mulut anjing ras pitbull
- Ekstraksi
- Disimpan di *refrigerator* pada suhu -2°C .

2. Identifikasi Molekuler



Hasil Analisis Sekuensing NPA

NIH U.S. National Library of Medicine NCBI National Center for Biotechnology Information Sign in to NCBI

BLAST® >> **blastn suite** >> RID-R20HUP47014 Home Recent Results Saved Strategies Help

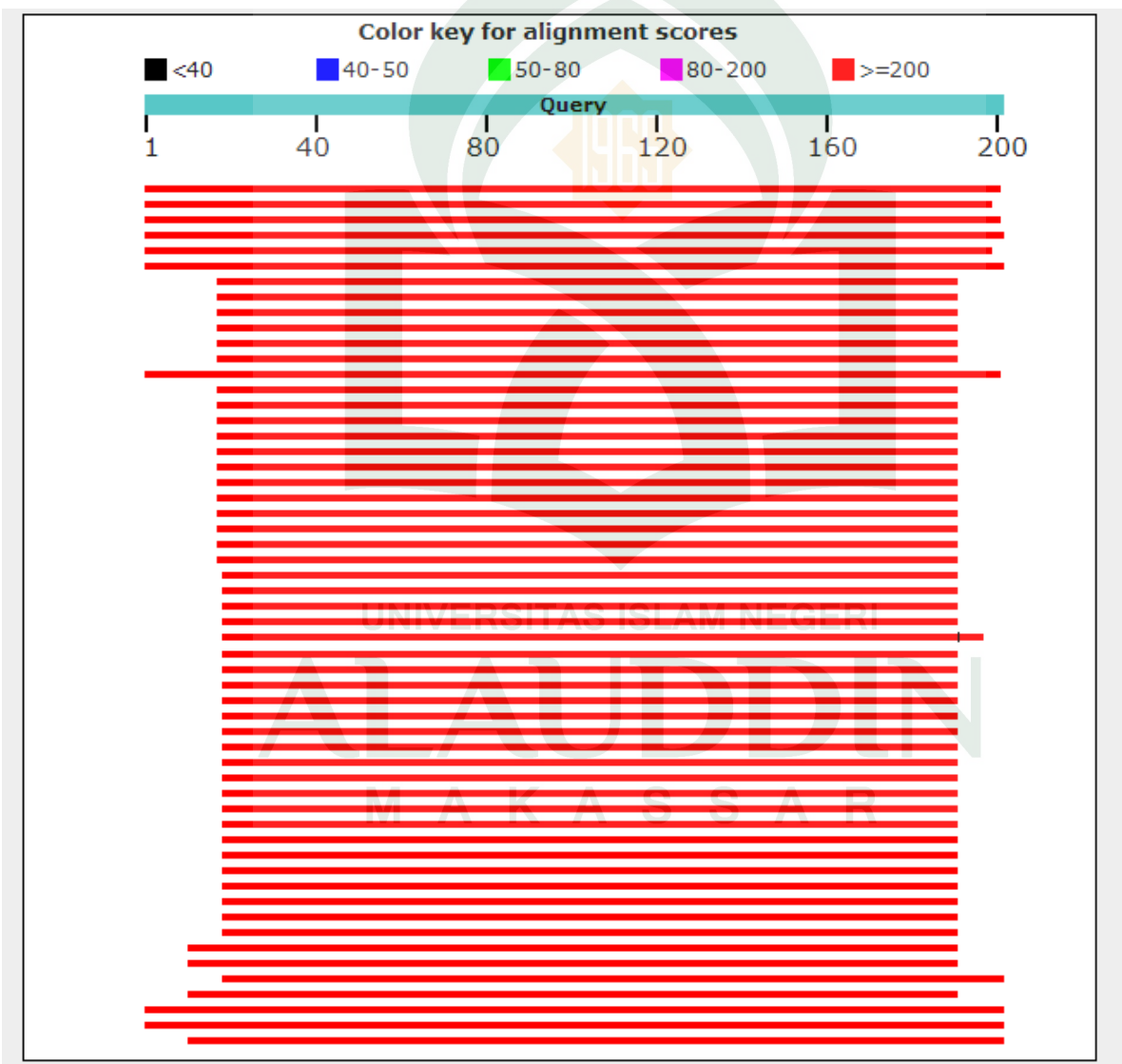
BLAST Results

Your search is limited to records that include: sequences from type material > Full Entrez Query
[Edit and Resubmit](#) [Save Search Strategies](#) [Formatting options](#) [Download](#) [YouTube](#) [How to read this page](#) [Blast report description](#)

Job title: Nucleotide Sequence (201 letters)



RID	R20HUP47014 (Expires on 08-14 11:59 am)	Database Name	nr
Query ID	IdlQuery_169795	Description	Nucleotide collection (nt)
Molecule type	nucleic acid	Program	BLASTN 2.8.0+ > Citation
Query Length	201		

Other reports: > [Search Summary](#) [Taxonomy reports](#) [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)



Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 29

Alignments  Download GenBank Graphics Distance tree of results								
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession	
<input checked="" type="checkbox"/>	Bergeyella porcorum strain 1350-03 16S ribosomal RNA, partial sequence	243	243	99%	1e-61	89%	NR_136869.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Persicobacter diffuens strain NBRC 15940 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	239	239	98%	1e-60	89%	NR_041462.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Bergeyella zoohelcum strain D658 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	237	237	99%	5e-60	88%	NR_104718.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Flexibacter elegans strain NBRC 15055 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	233	233	100%	6e-59	88%	NR_113723.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Persicobacter psychrovidus strain NBRC 101262 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	233	233	98%	6e-59	88%	NR_112619.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Flexibacter elegans strain IFO 15055 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	233	233	100%	6e-59	88%	NR_040908.1	
<input type="checkbox"/>	Bordetella avium partial 16S rRNA gene, strain HAMBI 2160	231	231	86%	2e-58	91%	LT899958.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter pestifer strain LMG 3431 16S ribosomal RNA, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_152016.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter kerstersii strain LMG 3441 16S ribosomal RNA, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_152015.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter delevi strain LMG 3458 16S ribosomal RNA, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_152014.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter denitrificans strain NBRC 15125 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	KY174335.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter mucicolens strain R-46658 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	KT886058.1	
<input type="checkbox"/>	Chryseobacterium frigidum strain D07 16S ribosomal RNA, partial sequence	231	231	99%	2e-58	88%	NR_148657.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter delevi partial 16S rRNA gene, strain LMG 3458	231	231	86%	2e-58	91%	HG324053.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter kerstersii partial 16S rRNA gene, strain LMG 3441	231	231	86%	2e-58	91%	HG324052.1	
<input type="checkbox"/>	Achromobacter pestifer partial 16S rRNA gene, strain LMG 3431	231	231	86%	2e-58	91%	HG324051.1	

 Questions/comm

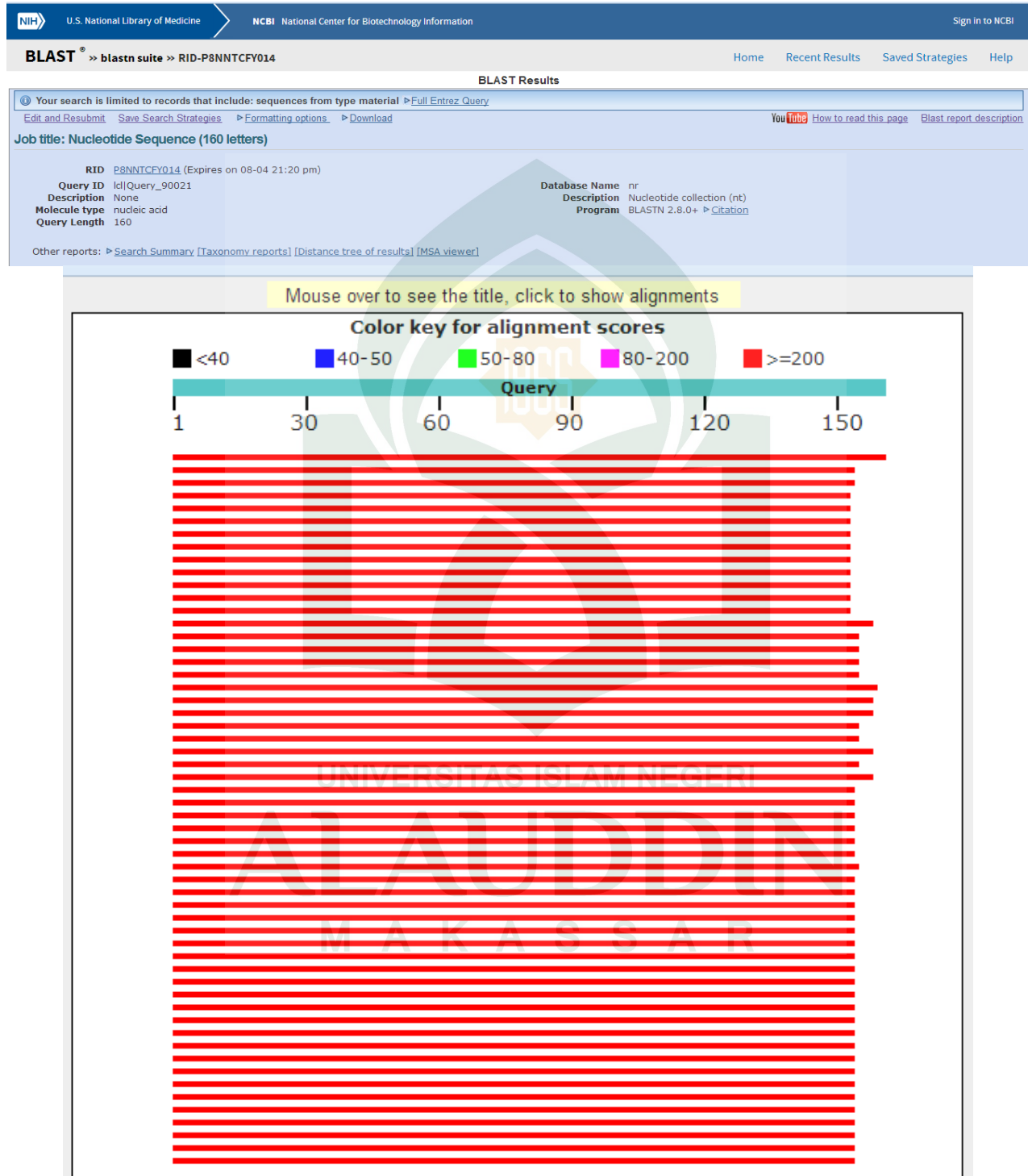
<input type="checkbox"/> Achromobacter pestifer partial 16S rRNA gene, strain LMG 3431	231	231	86%	2e-58	91%	HG324051.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter animicus strain R-46662 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_117615.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter mucicolens strain R-46658 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_117613.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter spanius strain CCUG 47062 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_118402.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter piechaudii strain CCUG 724 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_118401.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter insolitus strain CCUG 47057 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_118399.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter piechaudii strain NBRC 102461 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_114102.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter spanius strain LMG 5911 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_025686.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter insolitus strain LMG 6003 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_025685.1
<input type="checkbox"/> Bordetella avium strain ATCC 35086 16S ribosomal RNA, partial sequence	231	231	86%	2e-58	91%	NR_041769.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter xylosoxidans strain NBRC 15126(T) 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	MH661211.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter agilis strain LMG 3411 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_152013.1
<input type="checkbox"/> Bordetella tumulicola strain T6517-1-4b 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_145922.1
<input type="checkbox"/> Bordetella tumulicola gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	LC053650.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter xylosoxidans genome assembly NCTC10807, chromosome :1	230	690	88%	8e-58	91%	LN831029.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter agilis partial 16S rRNA gene, strain LMG 3411	230	230	85%	8e-58	91%	HG324050.1
<input type="checkbox"/> Bordetella trematum strain LMG 13506 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_118635.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter anxiifer strain LMG 26857 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_117708.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter aegrifaciens strain LMG 26852 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_117707.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter insuavis strain LMG 26845 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_117706.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter xylosoxidans strain LMG 1863 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_118403.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter marplatensis strain CCUG 56371 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_118400.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter denitrificans strain CCUG 407 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-		

<input type="checkbox"/> Achromobacter denitrificans strain CCUG 407 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_118398.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter pulmonis strain R-16442 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_117644.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter xylosoxidans strain NBRC 15126 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_113733.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter denitrificans strain NBRC 15125 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_113732.1
<input type="checkbox"/> Bordetella bronchiseptica strain NBRC 13691 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_113628.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter marplatensis strain B2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_116198.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter denitrificans strain DSM 30026 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_042021.1
<input type="checkbox"/> Bordetella trematum strain DSM 11334 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_025404.1
<input type="checkbox"/> Bordetella petrii strain Se-1111R 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_025369.1
<input type="checkbox"/> Bordetella hinzii strain LMG 13501 16S ribosomal RNA, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_027537.1
<input type="checkbox"/> Bordetella parapertussis strain 522 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_025950.1
<input type="checkbox"/> Bordetella bronchiseptica strain Dog 71 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	85%	8e-58	91%	NR_025949.1
<input type="checkbox"/> Basilea psittacipulmonis strain DSM 24701 16S ribosomal RNA, complete sequence	228	228	89%	3e-57	89%	NR_125635.2
<input type="checkbox"/> Basilea psittacipulmonis DSM 24701, complete genome	228	679	89%	3e-57	89%	CP009238.1
<input type="checkbox"/> Lautropia mirabilis strain SSI AB 2188 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	228	228	91%	3e-57	89%	NR_104897.1
<input type="checkbox"/> Basilea psittacipulmonis DSM 24701 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	228	228	89%	3e-57	89%	JX412111.1
<input checked="" type="checkbox"/> Limnobacter litoralis strain NBRC 105857 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	228	228	100%	3e-57	87%	NR_114291.1
<input checked="" type="checkbox"/> Limnobacter litoralis strain KP1-19 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	228	228	100%	3e-57	87%	NR_112741.1
<input type="checkbox"/> Polynucleobacter acidiphobus strain MWH-PoolGreenA3 chromosome	226	226	95%	1e-56	88%	CP023277.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer strain NCTC11014 genome assembly, chromosome: 1	226	679	99%	1e-56	87%	LT906475.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium sp. 25-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	KP966546.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium gallinarum strain DSM 27622, complete genome	226	1358	99%	1e-56	87%	CP009928.1
<input type="checkbox"/> Polynucleobacter acidiphobus strain MWH-PoolGreenA3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	95%	1e-		

<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium sp. 25-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	KP966546.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium gallinarum strain DSM 27622, complete genome	226	1358	99%	1e-56	87%	CP009928.1
<input type="checkbox"/> Polynucleobacter acidiphobus strain MWH-PoolGreenA3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	95%	1e-56	88%	NR_125545.1
<input type="checkbox"/> Bordetella holmesii strain ATCC 51541 16S ribosomal RNA, partial sequence	226	226	86%	1e-56	90%	NR_121717.1
<input type="checkbox"/> Bordetella holmesii ATCC 51541, complete genome	226	673	89%	1e-56	89%	CP007494.1
<input type="checkbox"/> Bordetella holmesii strain LMG 15945 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	86%	1e-56	90%	NR_118634.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer strain DSM 15868 16S ribosomal RNA, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_074429.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium bernardetii strain G229 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_126254.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer ATCC 11845 = DSM 15868, complete genome	226	679	99%	1e-56	87%	CP003388.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium carnipullorum strain 9_R23581 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_118332.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium shigense strain GUM-Kaji 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_041252.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium shigense strain DSM 17126 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_118006.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer DSM 15868, complete genome	226	679	99%	1e-56	87%	CP002346.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium vietnamense strain GIMN1.005 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_117832.1
<input type="checkbox"/> Parasutterella excrementihominis strain YIT 11859 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	95%	1e-56	88%	NR_041667.1
<input type="checkbox"/> Polynucleobacter acidiphobus 16S rRNA gene (partial), IGS and 23S rRNA gene (partial), strain MWH-PoolGreenA3	226	226	95%	1e-56	88%	FM208180.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium humi strain ECP37 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_104496.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium aquifrigidense strain CW9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_044334.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium iejuense strain JS17-8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_044300.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer strain ATCC 11845 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_026025.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium luteum strain P 456/04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_042596.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium flavum strain CW-E 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_115957.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium shigense gene for 16S rRNA, partial sequence	226	226	99%	1e-		



<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium flavum strain CW-E 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_115957.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium shigense gene for 16S rRNA, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	AB193101.1
<input type="checkbox"/> Bordetella ansorpii strain SMC-8986 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	86%	1e-56	90%	NR_115279.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium vrystaatense strain R-23566 16S ribosomal RNA, partial sequence	226	226	99%	1e-56	87%	NR_042370.1
<input type="checkbox"/> Bordetella avium strain ATCC 35086 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	226	226	86%	1e-56	90%	NR_118773.1
<input type="checkbox"/> Peptococcus simiae strain M108 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	94%	4e-56	88%	NR_153710.1
<input type="checkbox"/> Bordetella tumbae strain T6713-1-3b 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	NR_145921.1
<input type="checkbox"/> Bordetella muralis strain T6220-3-2b 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	NR_145920.1
<input checked="" type="checkbox"/> Porphyromonas pasteri strain KUFDS01 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	97%	4e-56	87%	NR_136788.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	94%	4e-56	88%	NR_126217.3
<input type="checkbox"/> Achromobacter sediminum strain XH089 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	NR_133951.1
<input type="checkbox"/> Bordetella petrii strain DSM 12804 16S ribosomal RNA, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	NR_074291.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter sediminum strain XH089 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	JX501254.1
<input type="checkbox"/> Peptococcus niger strain JCM 6506 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	94%	4e-56	88%	NR_113393.1
<input checked="" type="checkbox"/> Arcicella riqi strain NSW-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	97%	4e-56	87%	NR_108997.1
<input type="checkbox"/> Peptococcus niger strain DSM 20475 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	94%	4e-56	88%	NR_029221.1
<input type="checkbox"/> Bordetella petrii strain DSM 12804, complete genome	224	673	88%	4e-56	90%	AM902716.1
<input type="checkbox"/> Balneola vulgaris strain 13IX/A01/164 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	94%	4e-56	88%	NR_042991.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter ruhlandii strain EY3918 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	224	224	85%	4e-56	90%	NR_027197.1
<input type="checkbox"/> Bordetella holmesii strain CDC F5101 16S ribosomal RNA, partial sequence	222	222	86%	1e-55	90%	NR_029173.1
<input type="checkbox"/> Achromobacter piechaudii strain EY3860 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	220	220	86%	5e-55	89%	NR_027186.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium gallinarum strain 100 16S ribosomal RNA, partial sequence	219	219	99%	2e-54	86%	NR_133726.1

Hasil Sekuensing pada Sampel NPB



Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 18

Alignments  Download GenBank Graphics Distance tree of results								
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession	
<input checked="" type="checkbox"/>	Berqevella zoohelcum strain D658 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	230	230	100%	6e-58	93%	NR_104718.1	
<input type="checkbox"/>	Berqevella porcorum strain 1350-03 16S ribosomal RNA, partial sequence	222	222	95%	1e-55	93%	NR_136869.1	
<input type="checkbox"/>	Chryseobacterium hispalense strain AG13 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	211	211	95%	2e-52	92%	NR_116277.1	
<input type="checkbox"/>	Adhaeribacter sp. strain 17mud1-7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	92%	KY924849.1	
<input type="checkbox"/>	Marinoscillum furvescens strain NBRC 15994 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_113833.1	
<input type="checkbox"/>	Flexibacter elegans strain NBRC 15055 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_113723.1	
<input type="checkbox"/>	Adhaeribacter aerolatus strain NBRC 106133 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_114295.1	
<input type="checkbox"/>	Marinoscillum luteum strain SJP7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_108992.1	
<input type="checkbox"/>	Adhaeribacter aerolatus strain 6515J-31 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_117359.1	
<input type="checkbox"/>	Marinoscillum pacificum strain MRN461 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_043917.1	
<input type="checkbox"/>	Adhaeribacter aquaticus strain MBRG1.5 16S ribosomal RNA, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_042235.1	
<input type="checkbox"/>	Marinoscillum furvescens strain NBRC 15994 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_040920.1	
<input type="checkbox"/>	Flexibacter elegans strain IFO 15055 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	209	209	95%	8e-52	91%	NR_040908.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Riemerella anatipestifer strain NCTC11014 genome assembly, chromosome: 1	207	623	98%	3e-51	90%	LT906475.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Chryseobacterium sediminis strain IMT-174 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_145660.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Daejeonia qinsenosidivorans strain NP5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_145660.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	Chryseobacterium sediminis strain IMT-174 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_145660.1	

 Questions/comm

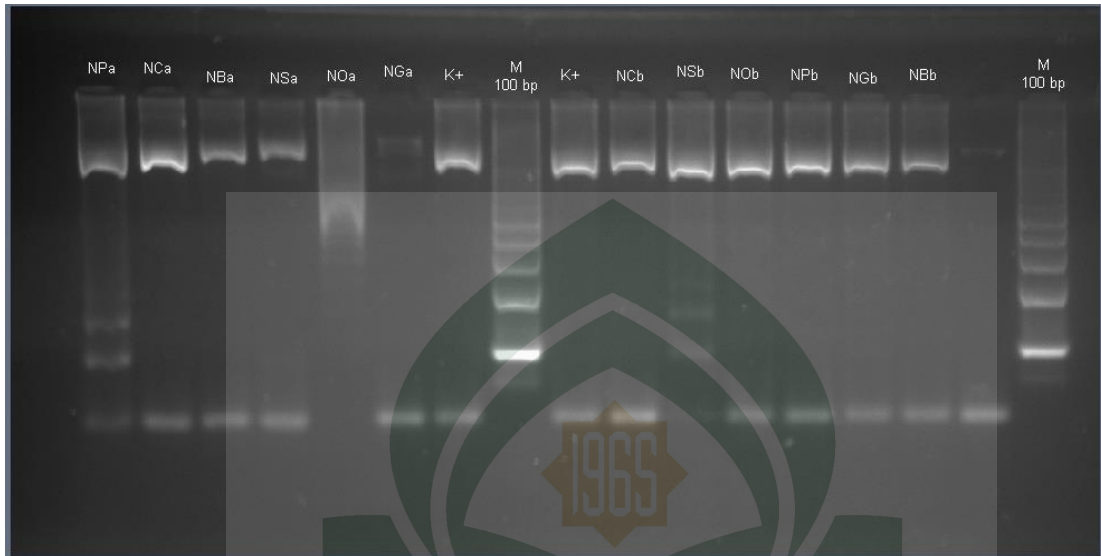
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium sediminis strain IMT-174 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_145660.1
<input checked="" type="checkbox"/> Daejeonia qinsenosidivorans strain NP5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	KT950745.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium sediminis strain IMT-174 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	KR349467.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium frigidum strain D07 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_148657.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium shandongense 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	98%	3e-51	91%	NR_135879.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer strain DSM 15868 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	98%	3e-51	90%	NR_074429.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer ATCC 11845 = DSM 15868, complete genome	207	623	98%	3e-51	90%	CP003388.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium tractae strain 1084-08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_108531.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium viscerum strain 687B-08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_117206.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer DSM 15868, complete genome	207	623	98%	3e-51	90%	CP002346.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium oleae strain CT348 16S ribosomal RNA, partial sequence	207	207	96%	3e-51	91%	NR_134002.1
<input checked="" type="checkbox"/> Riemerella anatipestifer strain ATCC 11845 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	207	207	98%	3e-51	90%	NR_026025.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium joostei strain LMG 18212 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	MG846021.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium reticulitermitis strain Ra1 16S ribosomal RNA, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_156964.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium sp. 25-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	KP966546.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium gallinarum strain DSM 27622, complete genome	206	1236	95%	1e-50	91%	CP009928.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium rhizoplae strain JM-534 16S ribosomal RNA, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_134711.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium indologenes partial 16S rRNA gene, type strain DSM 16777T	206	206	95%	1e-50	91%	LN681561.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium contaminans strain C-26 16S ribosomal RNA, partial sequence	206	206	96%	1e-50	91%	NR_133725.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium nakagawai strain G41 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_126257.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium lactis strain KC1864 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_126256.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium bernardetii strain G229 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_126255.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium carnipullorum strain 9_R23581 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_126254.1

Chryseobacterium camipullorum strain 9 R23581 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_118332.1
Chryseobacterium daecheongense strain NBRC 102008 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_114019.1
Chryseobacterium gleum strain NBRC 15054 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_113722.1
Riemerella columbipharyngis strain 8151 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_117970.1
Chryseobacterium shigense strain GUM-Kaji 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_041252.1
Chryseobacterium shigense strain DSM 17126 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_118006.1
Chryseobacterium indologenes strain NBRC 14944 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_112975.1
Chryseobacterium culicis strain R4-1A 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_117008.1
Chryseobacterium oranimense strain H8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_044168.1
Chryseobacterium jejuense strain JS17-8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_044300.1
Chryseobacterium luteum strain P 456/04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_042596.1
Chryseobacterium flavum strain CW-E 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_115957.1
Chryseobacterium indologenes strain LMG 8337 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_042507.1
Chryseobacterium gleum strain CCUG 14555 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_042506.1
Chryseobacterium indologenes strain LMG 8337 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_115238.1
Chryseobacterium gleum strain LMG 8334 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_115237.1
Chryseobacterium shigense gene for 16S rRNA, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	AB193101.1
Chryseobacterium caeni strain N4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_043727.1
Chryseobacterium daecheongense strain CPW406 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_028980.1
Chryseobacterium waniunense strain R2A10-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_043678.1
Chryseobacterium vrystaatense strain R-23566 16S ribosomal RNA, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_042370.1
Chryseobacterium joostei strain LMG 18212 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	206	206	95%	1e-50	91%	NR_025387.1
Chryseobacterium cucumeris strain GSE06 16S ribosomal RNA, partial sequence	204	204	95%	4e-		Questions/comm

<input type="checkbox"/> Chryseobacterium cucumeris strain GSE06 16S ribosomal RNA, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_156145.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium cucumeris strain GSE06 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	KX146463.1
<input type="checkbox"/> Saccharicrinis marinus strain Y11 16S ribosomal RNA, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_137404.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium taihuense strain THMBM1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	96%	4e-50	90%	NR_109542.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium vietnamense strain GIMN1.005 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_117832.1
<input type="checkbox"/> Aureibacter tunicatorum strain A5Q-118 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_113193.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium oncorhynchi strain 701B-08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_108481.1
<input type="checkbox"/> Adhaeribacter aerophilus strain 6424S-25 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_117363.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium arthrosphaerae strain CC-VM-7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_116977.1
<input type="checkbox"/> Balneola alkaliphila strain CM41_14b 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_044367.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium aquifrigidense strain CW9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_044334.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium lathyri strain RBA2-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_115853.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium rhizosphaerae strain RSB3-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_125812.1
<input type="checkbox"/> Balneola vulgaris strain 13IX/A01/164 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_042991.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium ureilyticum strain F-Fue-04IIlaaaa 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	204	204	95%	4e-50	91%	NR_042503.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium artocarpi strain UTM-3 16S ribosomal RNA, partial sequence	202	202	96%	1e-49	90%	NR_134001.1
<input checked="" type="checkbox"/> Chryseobacterium qwanquense strain THG-A18 16S ribosomal RNA, partial sequence	202	202	96%	1e-49	90%	NR_135722.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium nepalense strain C-5-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	KX129820.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126219.2
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126218.2
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126216.2
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126213.2
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 12	200	200	93%	5e-		Questions/comm

<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 12	200	200	93%	5e-49	91%	HG317001.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 11	200	200	93%	5e-49	91%	HG317000.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126217.3
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 9	200	200	93%	5e-49	91%	HG316998.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae strain ADRI 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	93%	5e-49	91%	NR_126215.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 3	200	200	93%	5e-49	91%	HG316995.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 2	200	200	93%	5e-49	91%	HG316994.1
<input type="checkbox"/> Microbacter marquisiae partial 16S rRNA gene, strain ADRI, clone 1	200	200	93%	5e-49	91%	HG316993.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium marinum strain NBRC 103143 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_114212.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium soldanellicola strain NBRC 100864 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_113952.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium balustinum strain NBRC 15053 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_113721.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium greenlandense strain UMB34 16S ribosomal RNA, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_116857.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium qinsenosidimutans strain THG 15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_108691.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium angstadtii strain KM 16S ribosomal RNA, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_125529.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium piscicola strain VQ-6316s 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_116480.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium humi strain ECP37 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_104496.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium aquaticum strain 10-46 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_042642.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium marinum strain IMCC3228 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_044280.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium elymi strain RHA3-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	200	200	95%	5e-49	90%	NR_115851.1
<input type="checkbox"/> Chryseobacterium gallinarum strain 100 16S ribosomal RNA, partial sequence	198	198	95%	2e-48	90%	NR_133726.1

Hasil Elektroforeis Sampel



Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull



Riwayat Penulis



Almik Agri Lestari Nursalam lahir di Polmas, 26 Oktober 1995 yang merupakan anak kedua dari tiga bersaudara. Anak dari bapak Adianto Nursalam dan ibu yang bernama Srinah S. Saudara perempuan pertama penulis bernama Evy Reskyanni Nursalam dan adik perempuan bernama Shelynda Tri Febriani Nursalam. Penulis memulai pendidikan formalnya di SDN Inpres 029 Sumberjo, lulus dalam waktu 6 tahun pada tahun 2008. Pada tahun yang sama penulis melanjutkan pendidikan di Sekolah Menengah Pertama Negeri 1 Wonomulyo dan lulus pada tahun 2011 dan penulis melanjutkan pendidikannya di SMA Negeri 1 Wonomulyo hingga selesai pada tahun 2014. Kemudian mendapat kesempatan untuk melanjutkan studinya di Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar kejenjang S1 pada jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi, yang memang jurusan diminatinya dan tetap semangat menempuh pendidikan di Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar sekaligus bersyukur bisa belajar di Universitas tercinta tersebut. Selama menempuh pendidikan Strata 1 penulis pernah menjadi asisten praktikum botani dasar, praktikum zoology dan praktikum ekologi, dan juga magang di laboratorium MTB dan laboratorium mikrobiologi RSP Unhas. Penulis memiliki pengalaman organisasi di Himpunan Mahasiswa Jurusan Biologi sebagai anggota divisi. Penulis melakukan penelitian dengan mengambil judul “Identifikasi Molekuler Bakteri pada Saliva Anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Pitbull”. Untuk kontak person penulis, bisa mengirimkan email ke almikagri@gmail.com.



UNIVERSITAS ISLAM NEGERI
ALAUDDIN
M A K A S S A R